

Diversidad genética de muestras arqueológicas humanas del nordeste de la provincia de Chubut (Patagonia argentina) durante el Holoceno (6000-200 AP)

Autor:

Tamburrini, Camila

Tutor:

Parolin, María Laura

2023

Tesis presentada con el fin de cumplimentar con los requisitos finales para la obtención del título Doctora de la Facultad de Filosofía y Letras de la Universidad de Buenos Aires en Antropología.

Posgrado



FILO:UBA
Facultad de Filosofía y Letras

**UNIVERSIDAD DE BUENOS AIRES
FACULTAD DE FILOSOFIA Y LETRAS**

TÍTULO DE LA TESIS:

Diversidad genética de muestras arqueológicas humanas del nordeste de la provincia del Chubut (Patagonia argentina) durante el Holoceno (6000-200AP)

Genetic diversity of human archaeological samples from northeastern Chubut province (Argentinian Patagonia) during the Holocene (6000-200 AP)

PRESENTA:

Camila Tamburrini

***Para obtener el título en:
Doctor/a de la Universidad de Buenos Aires,
área Antropología***

DIRECTORA: DRA. MARÍA LAURA PAROLIN
CODIRECTORA: DRA. SILVIA DAHINTEN
CONSEJERA DE ESTUDIOS: DRA. LETICIA CORTÉS

Defendida y aprobada el 11 de diciembre del 2023

A mi familia.

AGRADECIMIENTOS

Quiero expresar mi agradecimiento a todas las personas e instituciones que han contribuido al desarrollo de esta tesis doctoral.

En primer lugar, me gustaría agradecer a mi comité directivo, a la Dra. María Laura Parolin por abrirme las puertas al instituto y buscar financiamiento para la secuenciación de las muestras que dieron sustento a este proyecto doctoral; a mi co-directora, la Dra. Silvia Dahinten, le agradezco su apoyo durante el desarrollo de la tesis, especialmente en el tramo final en el cual las crisis existenciales fueron la norma de cada día. Su seguimiento y comprensión fueron de gran ayuda. También agradezco su guía en la bibliografía y visión antropológica necesaria para el desarrollo de esta tesis. Agradezco también a mi asesora, la Dra. Leticia Cortés por sus sugerencias en la presentación de la documentación a la facultad.

Respecto de las instituciones, me gustaría agradecer al Comité de Bioética del Área Programática Norte de Puerto Madryn, a la Subsecretaría de Cultura, Subsecretaría de Derechos Humanos y a la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut por su apoyo y autorización para realizar esta investigación. Al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) por otorgarme una beca doctoral, y al Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET) por brindarme un lugar de trabajo y el apoyo necesario para llevar a cabo mi investigación. A la Facultad de Filosofía y Letras de la UBA por tomarme como alumna. Agradezco también a los miembros del laboratorio de Identificación Genética (IdeGen del IDEAus-CONICET, Lucho, Capocha, Alfredo y Néstor), especialmente al Dr. Néstor Basso por su ayuda y por incentivar siempre a seguir capacitándome y al Dr. Alfredo Holley por su ayuda y paciencia en cuanto a los análisis estadísticos y la confección de los scripts de esta tesis.

Agradezco a las comunidades Mapuche-Tehuelche por su interés en los encuentros y talleres realizados; por sus sugerencias y comentarios y por convertirme en una persona más empática y consciente de su situación actual.

Agradezco al equipo de Arqueología y Antropología del IDEAus-CONICET, en especial a Anahí Banegas, Soledad Goye, Ariadna Svoboda y Verónica Schuster por proporcionar imágenes que sirvieron en esta tesis doctoral; a Guillermo Gutiérrez por sus consejos en el desarrollo del plan y proyecto doctoral; a Gabriela Millán, la curadora del Repositorio y uno de los pilares del laboratorio, quien se preocupó por el avance de mi tesis y estuvo presente dando apoyo logístico y moral; a Laura Lamuedra (Lala) por la confección de los mapas y por

regalar siempre una sonrisa incluso en los momentos más difíciles y a Marcelo Gavirati por la bibliografía sugerida.

Especial gratitud siento por el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH) de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) por recibirme y brindarme un ambiente de respeto y cariño, donde pude crecer tanto profesional como personalmente. Agradezco el apoyo técnico en el desarrollo de mis actividades de Alejandra Castillo Carbajal, Carina Uribe Díaz y Jair García Sotelo del LIIGH-UNAM y el apoyo bioinformático de Luis Alberto Aguilar Bautista del LAVIS-UNAM. Quiero agradecer a quienes comenzaron siendo mis capacitadoras en técnicas de laboratorio y ahora se convirtieron en mis amigas: a Miriam López-Bravo (alias “Monga”) por su ayuda durante mi estadía y por abrirme las puertas de su casa y permitirme conocer a su familia y a Viridiana Villa-Islas (alias Dra. Telómero) por capacitarme en el laboratorio y por los viajes improvisados a base de chelas y papitas que me permitieron conocer la inmensidad y la belleza de México.

Me gustaría agradecer, en particular, a dos personas que, sin haber ocupado un rol protagónico en la dirección de mi tesis, contribuyeron sustancialmente a mi formación, tanto académica como personal: la Dra. Julieta Gómez Otero del IDEAus-CONICET por abrirme paso a una forma de relacionarme con las comunidades originarias de forma respetuosa y empática, por el trabajo conjunto que terminó por delinear las preguntas de investigación abordadas en esta tesis y por su revisión de la sección de antecedentes bioarqueológicos; y a la Dra. María Ávila-Arcos, por su seguimiento en los *labmeetings*, por hacerme sentir parte de la comunidad del LIIGH y por enseñarme, indirectamente a través de su accionar, una forma de hacer ciencia diferente, a valorar mis principios y actuar acorde a ellos.

Agradezco a quienes colaboraron en la revisión de distintas secciones de la tesis: a Claudio Bravi (sección de resultados), a Julieta Gómez Otero (sección de antecedentes bioarqueológicos) y a Viridiana Villa-Islas y Gabriela Millán (sección de metodología), y a quien ha respondido amablemente a mis consultas y pedido de bibliografía a lo largo de estos años, el Dr. Cristian Crespo.

También me gustaría agradecer a mis amigos, por estar en los buenos y en los malos momentos: a Marcos Butti, Marina Pisani, Debora Andoro, Celeste Digiglio, Micaela Ferrero, Paula Dido y a Pachu Pollicelli. Al Rasta por la ayuda en el diseño de la portada. A Vir Mauro, por ser incondicional a pesar del tiempo y la distancia. Agradezco también a Pao Everardo, otra amiga que México me dejó, por darme un lugar en su casa y por las aventuras, a Migue Contreras y a Arte Martínez por las risas y la continuidad de esta amistad ¡¡Espero que nos sigamos cruzando y compartiendo anécdotas!!

Agradezco a Fede Semino por su paciencia, por escuchar mis quejas y por los gin-tónicos que compartimos a lo largo de la escritura de esta tesis.

Agradezco a las agencias que financiaron parte de esta tesis: CONICET: Proyecto de Unidades Ejecutoras (PUE). “Procesos de cambio cultural y biológico en poblaciones indígenas de Patagonia central: Estudio de casos” 22920180100012CO; Society for American Archeology: “Arqueología de cazadores-recolectores de la costa centro-sur de Chubut, Patagonia Argentina,” King Grant for Precolumbian Archaeology #201902 y Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica: “Sociedades y ambientes en transformación,” PICT V 2014- 1558.

Agradezco a mi segunda mamá, María Isabel Benavente (Gota) por hacerme un lugar en su casa en todos mis viajes a CABA, lo cual me facilitó la realización de innumerables capacitaciones a través de cursos, seminarios y viajes y a Isabel Quinteros por tratarme como una hija en mi estadía en México ¡Muchas gracias!

Por último, me gustaría agradecer a mi familia, a mi mamá y a mi papá por apoyarme en todas las decisiones que he tomado en mi vida y por enseñarme que nunca “es mejor mirar a la pared” como diría Charly y a mis hermanos, Guido y “Yoyito” por ayudarme a forjar mi carácter durante mi niñez y adolescencia.

Desde ya... GRACIAS TOTALES!!

RESUMEN

La Patagonia central argentina, definida por los actuales límites políticos de la provincia del Chubut, ha sido objeto de extensas investigaciones arqueológicas y bioantropológicas con el fin de comprender los procesos de cambios culturales y biológicos de sus poblaciones ancestrales. La abundante información obtenida a partir de estas disciplinas en esta sub-región patagónica contrasta con los escasos estudios genéticos de las antiguas poblaciones cazadoras-recolectoras del área y con la importancia que esta habría tenido como corredor de intercambio cultural, económico y, posiblemente, genético entre el norte y el sur de la Patagonia. Con el objetivo de compensar este vacío de información y complementar los estudios bioarqueológicos y bioantropológicos, la presente tesis doctoral consistió en caracterizar la diversidad genética de los linajes mitocondriales de las poblaciones humanas que habitaron el nordeste de la Patagonia central durante el Holoceno. Asimismo, sobre la base de evidencias arqueológicas que han demostrado: 1) dos grandes concentraciones de enterratorios que podrían estar indicando nodos poblacionales independientes (valle inferior del río Chubut; VIRCH y Península Valdés; PV) y 2) un aumento de la concentración de sitios a partir del Holoceno tardío; se evaluaron posibles variaciones en el acervo génico a escala temporal y microrregional. Para abordar estos objetivos, en esta tesis doctoral se presentan los resultados mitogenómicos de 48 individuos muestreados del Repositorio Bioantropológico de Restos Humanos Arqueológicos salvaguardado en el IDEAus-CONICET de Puerto Madryn (Chubut, Argentina) y cogestionado junto con la Subsecretaría de Cultura de la Provincia del Chubut.

Los resultados obtenidos por técnicas genómicas de nueva generación demostraron una buena preservación del material genético (66% de eficiencia de recuperación). Dieciocho de los individuos analizados fueron asignados al clado D1 (45%), ocho (8) al C1b (20%), ocho (8) al B2 (20%) y seis (6) al C1c (15%). Asimismo, nuevos sub-haplogrupos fueron identificados (B2b16a, B2ak1b, C1b32, C1b33, C1b35, C1c11g, C1c11i, D1u, D1g7, D1g5a1). Muchos de los haplotipos hallados muestran una continuidad a escala temporal y un alcance geográfico amplio, llegando a compartirse tanto con individuos ancestrales de la región pampeana como de Patagonia sur e insular. Asimismo, la variabilidad interna, principalmente la del sub-haplogrupo D1g5, se encuadra en la propuesta de algunos autores sobre la escasa diversidad genética de las poblaciones ancestrales debido a su baja demografía con tendencia a la variación interna y aumento de esta variabilidad hacia el Holoceno Tardío. En cuanto a la variación de la diversidad genética entre las microrregiones definidas en Patagonia central (VIRCH y PV) y las variaciones en la composición genética a lo largo del tiempo, los análisis realizados para evaluar estos aspectos indicaron que, al menos para el periodo temporal

abarcado y con relación a los linajes maternos, se podría considerar a los individuos de estas microrregiones como pertenecientes a una única población.

Respecto de los aspectos ético-sociales que involucra a la temática desarrollada en esta tesis, cabe aclarar que, en la última década, el avance metodológico y el aumento en el poder de análisis por métodos bioinformáticos no solo propiciaron el desarrollo de estudios genómicos de ADN antiguo (ADNa) a nivel global, sino también una remergencia de los debates sobre estos aspectos en lo concerniente al trabajo con poblaciones antiguas, reconocidas como ancestros por comunidades indígenas contemporáneas. En este sentido, la presente tesis, en colaboración con la Dirección de Asuntos Indígenas de la Provincia del Chubut, se ha unido a esos debates desde una perspectiva situada y contextualizada proponiendo nuevas guías y prácticas para la disciplina.

Para finalizar, creemos que las inferencias resultantes de los datos generados a partir de esta tesis doctoral no solo profundizan y complementan la información obtenida a partir de las investigaciones arqueológicas y bioantropológicas, sino que contribuyen al entendimiento de los procesos migratorios que modelaron el poblamiento humano de la Patagonia. La complementariedad de los resultados obtenidos en esta investigación con datos de ADN autosómico junto con un abordaje interdisciplinario permitirá, a futuro, obtener un panorama más completo sobre el origen y dispersión de las poblaciones ancestrales que habitaron la actual región patagónica.

ABSTRACT

Central Patagonia in Argentina, defined by the current political boundaries of Chubut province, has been extensively archaeologically and bioanthropologically researched to understand the cultural and biological changes undergone by its ancestral populations. The significant archaeological and bioanthropological information gathered in this sub-region contrasts with the few genetic studies conducted on the ancient hunter-gatherer populations and with the potential role this sub-region played as a cultural, economic, and probably genetic exchange corridor between northern and southern Patagonia. To bridge this information gap and complement the existing bioarchaeological and anthropological studies, this doctoral thesis characterizes the genetic diversity of mitochondrial lineages in the human populations that inhabited northeastern, central Patagonia during the Holocene. Moreover, based on archaeological evidence revealing: 1) two major burial concentrations, possibly indicating distinct population clusters (in the lower Chubut River valley; VIRCH and Valdes Peninsula; PV), and 2) an increased concentration of sites dating from the Late Holocene; the study explores possible variations in the gene pool on both temporal and microregional scales.

To address these observations from a genomic perspective, this doctoral thesis reports the mitogenomic results of 48 individuals sampled from the Bioanthropological Repository of Archaeological Human Remains safeguarded at IDEAus-CONICET in Puerto Madryn (Chubut, Argentina), jointly managed with the Subsecretaría de Cultura of the province of Chubut. The results obtained by next-generation techniques showed good preservation of the genetic material (66% efficiency). Eighteen of the individuals analyzed were assigned to clade D1 (45%), eight to C1b (20%), eight to B2 (20%), and six to C1c (15%). Additionally, new sub-haplogroups were identified (including B2b16a, B2ak1b, C1b32, C1b33, C1b35, C1c11g, C1c11i, D1u, D1g7, D1g5a1). Many haplotypes show temporal continuity and broad geographical scope, shared with ancestral individuals from the Pampas region and southern and insular Patagonia. The internal variability of the haplotypes, particularly of the D1g5 sub-haplogroup, corresponds to findings reported by several authors regarding the limited genetic diversity observed in ancestral populations as a result of their small population size and with the tendency for increased internal variation towards the Late Holocene observed by archaeological evidence.

Studies performed to evaluate the variation in genetic diversity between the microregions defined in central Patagonia and that in genetic composition over time suggested that at least for the temporal period covered and concerning maternal lineages, the individuals from these microregions could be regarded as belonging to a single panmictic population.

In terms of the ethical and social aspects explored in this thesis, it is important to note that in the past decade, advances in methodologies and bioinformatic analysis have not only enabled global genomic studies of ancient DNA (aDNA) but have also sparked renewed debates on the ethical considerations in working with ancient populations, particularly those recognized as ancestors by contemporary indigenous communities. This thesis contributes to these debates from a situated and contextualized perspective, putting forward new guidelines and practices for the discipline in collaboration with the Dirección de Asuntos Indígenas de la Provincia del Chubut (General Office of Indigenous Affairs of the Province of Chubut).

The inferences from the data produced in this doctoral thesis deepen and complement the information gathered in archaeological and bioanthropological research and contribute to understanding the migratory processes that shaped human settlement in Patagonia. The complementarity of the results observed in this thesis with autosomal DNA data and an interdisciplinary approach will allow for a comprehensive picture of the origin and dispersal of the ancestral populations that inhabited the current Patagonia region.

ÍNDICE

AGRADECIMIENTOS	III
RESUMEN	VI
ABSTRACT	VIII
ÍNDICE	X
CAPÍTULO 1: INTRODUCCIÓN GENERAL	1
JUSTIFICACIÓN DE RELEVANCIA	2
SÍNTESIS DE LOS CONTENIDOS	3
CAPÍTULO 2: ESTADO DE LA CUESTIÓN	5
2.1 POBLAMIENTO SUDAMERICANO CON ENFOQUE EN LA REGIÓN PATAGÓNICA	5
2.2 EL ÁREA DE ESTUDIO	10
2.3 ANTECEDENTES EN INVESTIGACIÓN: ESTUDIOS BIOARQUEOLÓGICOS EN POBLACIONES ANTIGUAS DEL NORDESTE DE LA PROVINCIA DEL CHUBUT	14
2.4 CONSIDERACIONES SOBRE LOS ANTECEDENTES BIOARQUEOLÓGICOS	19
2.5 ANTECEDENTES EN INVESTIGACIÓN: ESTUDIOS GENÉTICOS EN POBLACIONES ANTIGUAS DE LA PATAGONIA.....	20
2.6 CONSIDERACIONES SOBRE LOS ANTECEDENTES GENÉTICOS E INTRODUCCIÓN A LOS OBJETIVOS.....	26
CAPÍTULO 3: OBJETIVOS E HIPÓTESIS	28
CAPÍTULO 4: MARCO TEÓRICO	30
4.1 GENÉTICA Y GENÓMICA DE POBLACIONES: REVISIÓN CONCEPTUAL SOBRE LAS UNIDADES DE ANÁLISIS	30
4.2 GENÉTICA Y GENÓMICA DE POBLACIONES: CONCEPTOS Y TEORÍAS.....	33
4.3 APROXIMACIONES A LOS ESTUDIOS ANTROPOLÓGICOS DESDE LA GENÉTICA DE POBLACIONES: ¿POR QUÉ EL ADN?..	36
4.4 ADN MITOCONDRIAL: CARACTERIZACIÓN Y USO COMO MARCADOR DE HERENCIA UNIPARENTAL	37
4.5 ADN ANTIGUO.....	41
4.6 CONSIDERACIONES Y ACLARACIONES PERTINENTES AL DESARROLLO DE ESTA TESIS DOCTORAL	44
CAPÍTULO 5: MARCO ÉTICO-SOCIAL	48
5.1 MOTIVACIÓN Y ACERCAMIENTO A LA DIRECCIÓN DE ASUNTOS INDÍGENAS DE LA PROVINCIA DEL CHUBUT	48
5.2 HACIA UN MARCO ÉTICO Y LEGAL EN ARQUEOGENÓMICA: UN CASO LOCAL EN LA COSTA ATLÁNTICA DE LA PATAGONIA CENTRAL.....	50
5.3 COMUNICACIÓN DEL TALLER: CIENCIAS GENÓMICAS Y SABERES DE LOS PUEBLOS ORIGINARIOS. PROVINCIA DEL CHUBUT, ARGENTINA	51
CAPÍTULO 6: MATERIALES Y MÉTODOS	54
6.1 OBTENCIÓN DE LAS MUESTRAS BIOARQUEOLÓGICAS	54
6.2 OBTENCIÓN DE MATERIAL GENÉTICO	58
6.3 ANÁLISIS BIOINFORMÁTICOS DE CALIDAD Y AUTENTICIDAD	63
6.4 LINAJES MATERNOS: ADN MITOCONDRIAL	66
6.5 ABORDAJE DE LOS OBJETIVOS E HIPÓTESIS	67
6.6 INFORMACIÓN PROVENIENTE DEL ADN AUTOSÓMICO	72

6.7 RECURSOS INFORMÁTICOS	72
CAPÍTULO 7: RESULTADOS Y DISCUSIÓN	73
7.1 ESTADO GENERAL DE CADA MUESTRA Y AUTENTICIDAD DE LOS RESULTADOS	73
7.2 VALIDACIÓN DE ADN ANTIGUO.....	74
7.3 ABORDAJE DE LOS OBJETIVOS E HIPÓTESIS: NIVEL INTERREGIONAL	77
7.4 ABORDAJE DE LOS OBJETIVOS E HIPÓTESIS: NIVEL SUB- Y MICRO-REGIONAL	103
CAPÍTULO 8: CONCLUSIONES.....	114
8.1 ESTADO GENERAL DE LAS MUESTRAS Y RECUPERACIÓN DEL ADN	114
8.2 ANÁLISIS INTERREGIONALES	114
8.3 ANÁLISIS SUB Y MICRO-REGIONAL.....	117
CAPÍTULO 9: DEVOLUCIÓN DE LOS RESULTADOS A LOS ENTES PROVINCIALES PERTINENTES Y A LAS COMUNIDADES LOCALES	109
9.1 OBLIGATORIEDAD ÉTICA Y LEGAL	109
9.2 DIFUSIÓN DE LOS RESULTADOS EN EL MARCO DE LA PRESENTE TESIS DOCTORAL	110
9.3 CONSIDERACIONES FINALES Y COMPROMISOS A FUTURO	112
BIBLIOGRAFÍA	114
APÉNDICES.....	151
TABLAS SUPLEMENTARIAS.....	311

CAPÍTULO 1: INTRODUCCIÓN GENERAL

Los patrones de flujos migratorios, los aspectos sociales y culturales y sus transformaciones marcadas por acontecimientos históricos son sólo algunos de los tópicos que diferentes disciplinas han buscado reconstruir a través del estudio de restos arqueológicos humanos en el continente Americano. Estas temáticas han sido ampliamente abordadas desde la arqueología (Borrero & Miotti, 2007; Dillehay et al., 2015; García-Guraieb et al., 2015; Goldberg et al., 2016; Lanata et al., 2008; Miotti, 2006; Prates, Politis & Pérez, 2020), la bioantropología (Bernal et al., 2010; González José et al., 2008; Hubbe et al., 2014; Pucciarelli et al., 2008), la biogeografía (Morello et al., 2012; Ponce et al., 2011) y la genética aplicada a poblaciones antiguas y contemporáneas (Bravi, 2005; de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012; de Saint Pierre, Gandini, et al., 2012; Posth et al., 2018; Scheib et al., 2018), entre otras disciplinas y otros autores. A pesar de los múltiples abordajes disciplinares, aún existe un amplio debate en torno al origen paleoamericano y al número de oleadas migratorias iniciales que poblaron América a través del estrecho de Bering. Asimismo, son objeto de continuos debates las posibles rutas de dispersión, la divergencia biológica y cultural, y la consecuente diversificación genética en las comunidades indígenas ancestrales y contemporáneas (Raghavan et al. 2015). En este sentido, Sudamérica y en particular la región patagónica, constituyen un punto clave y controversial ya que, al ser la última región ocupada por los humanos, presenta patrones de poblamiento y demográficos únicos (Borrero, 2001; Goldberg et al., 2016; Politis & Prates, 2018).

La provincia del Chubut se ubica entre los paralelos -42° y -46° sur, el meridiano -72° hacia el oeste y la costa Atlántica hacia el este, y es definida como Patagonia central argentina (Gómez Otero & Bellelli, 2006). Esta región ha sido ampliamente estudiada desde diferentes líneas de investigación arqueológica y bioantropológica con el propósito de explorar los procesos de cambio y continuidad cultural y biológica de las poblaciones que la habitaron entre el Holoceno y los dos primeros siglos del contacto con los europeos (Aguerre et al., 2017; Arrigoni et al., 2008; Bianchi Villelli & Buscaglia, 2015; Moreno et al., 2015; Peralta Gonzalez et al., 2014; entre otros trabajos y autores). Entre estos estudios, es de destacar el trabajo llevado a cabo durante más de 30 años por el equipo de arqueólogos liderado por la Dra. Julieta Gómez Otero y el equipo de bioantropólogos de la Dra. Silvia Dahinten del Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET) en colaboración con colegas de otras instituciones. Estos trabajos, sistemáticos y exhaustivos, han permitido caracterizar e hipotetizar sobre el estilo de vida de las sociedades cazadoras-recolectoras, las principales fuentes de su dieta (Gómez Otero et al., 2000; Gómez Otero & Novellino, 2011), la utilización de tecnología lítica y cerámica (Banegas et al., 2014, 2018, 2020; Schuster & Sánchez, 2019), y el uso del espacio

y sus patrones de movilidad (Gómez Otero, 2003; Gómez Otero & Stern, 2004; Svoboda et al., 2019), entre otros aspectos culturales y biológicos.

Con el desarrollo de las tecnologías de secuenciación masiva en paralelo (MPS, del inglés Massive Parallele Sequencing) o también conocido como Secuenciación de Nueva Generación (NGS, del inglés Next-Generation Sequencing) y la progresiva disminución de los costos de secuenciación, el estudio de las poblaciones ancestrales a partir de análisis de ADN antiguo (ADNa) ha crecido vertiginosamente en la última década. A fin de complementar la información bioantropológica y arqueológica de las poblaciones ancestrales de Patagonia central, esta tesis doctoral tiene como objetivo general **caracterizar la diversidad genética de muestras arqueológicas humanas del nordeste de la provincia del Chubut (Patagonia argentina) durante el Holoceno (6000-200 AP)** mediante el análisis de mitogenomas obtenidos a partir de una muestra poblacional del Repositorio Bioantropológico de Restos Humanos Arqueológicos salvaguardado en el IDEAus-CONICET de Puerto Madryn (Chubut, Argentina) (Millán & Dahinten, 2019). Además, se abordarán los objetivos particulares especificados en el capítulo 3 de la presente tesis con el propósito de analizar la variación genética de los linajes maternos a escala espacial y temporal desde un enfoque local y contextualizado.

1.1 Justificación de relevancia

Las inferencias resultantes de los datos generados a partir de esta tesis doctoral no solo profundizarán y complementarán la información obtenida a partir de las investigaciones arqueológicas y bioantropológicas antes mencionadas, sino que contribuirán también al entendimiento de los procesos migratorios que modelaron el poblamiento humano de la Patagonia. La implementación de técnicas de secuenciación de vanguardia y el análisis de datos genómicos masivos junto con un abordaje interdisciplinario de la problemática a desarrollar en esta tesis, permitirá obtener un panorama más completo sobre el origen y dispersión de las poblaciones ancestrales que habitaron la actual Patagonia central argentina. El impacto del presente proyecto se verá reflejado, principalmente, en la producción de información genómica de amplia profundidad temporal en un área geográfica de vacancia para la disciplina. Asimismo, se destaca que este estudio se enmarca en un contexto político-social de reivindicación de los pueblos originarios que contrasta con el imaginario popular de ascendencia europea instaurado en la sociedad argentina desde el denominado proceso político de “blanqueamiento de la población” (Romero, 1991). En este sentido, el estudio genético de las poblaciones ancestrales originarias se vuelve una herramienta más para comprender sus orígenes y sus modificaciones a lo largo de la historia.

1.2 Síntesis de los contenidos

Esta tesis fue estructurada en capítulos brevemente descriptos a continuación:

Capítulo 1: Introducción general. La introducción tiene como propósito brindar al lector una breve introducción al objetivo general de esta tesis y presentar los argumentos que respaldan la importancia de la investigación.

Capítulo 2: Estado de la cuestión. Este capítulo consiste en un breve desarrollo de los trabajos bibliográficos pertinentes a la problemática de estudio. Para ello se describen las teorías de poblamiento sudamericano con especial enfoque en la región patagónica, para luego centrarse en el área de interés de la tesis: la costa norte de la provincia del Chubut. Se desarrollarán luego los antecedentes bioarqueológicos del área de estudio que contextualizan y dan sustento a los objetivos e hipótesis particulares de la presente investigación. Una vez contextualizado y delimitado el objeto de análisis tanto temporal como espacialmente, se presentan los antecedentes de estudios arqueogenéticos de la región Patagónica y el vacío de información que sustenta la realización de esta tesis.

Capítulo 3: Objetivos e hipótesis. A partir del estado de la cuestión presentado en el capítulo anterior se desprenden los objetivos e hipótesis asociadas los cuales son desarrollados en este capítulo.

Capítulo 4: Marco teórico. Aquí se abordan los conceptos, teorías y modelos que conforman el cuerpo teórico que enmarca el abordaje de la problemática de estudio. También se destina este capítulo a aclarar terminología y ciertos recaudos en la interpretación de los datos.

Capítulo 5: Marco ético-social. Se presenta al lector un trabajo realizado en colaboración con la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut y la Dra. María Ávila-Arcos del Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano de la Universidad Nacional Autónoma de México (LIIGH-UNAM). Dicho trabajo proporciona una visión integral de los aspectos ético-sociales involucrados en la investigación genómica de poblaciones ancestrales, con el objetivo de promover prácticas responsables y respetuosas en este campo de estudio desde un enfoque local y contextualizado.

Capítulo 6: Materiales y métodos. Se describen los criterios para la obtención de muestras óseas pertenecientes a poblaciones ancestrales del área de estudio y la procedencia de las mismas. Posteriormente se desarrollan los métodos llevados a cabo desde el procesamiento del material arqueológico hasta la secuenciación del extracto de ADN. Por último, se describen

los análisis bioinformáticos realizados para controlar la calidad de las secuencias obtenidas y para dar respuesta a los objetivos e hipótesis planteados en el capítulo 3.

Capítulo 7: Resultados y discusión. Este apartado presenta los resultados del estado de cada muestra y los estimadores de autenticidad del ADN. Luego de esta caracterización general se abordan los resultados correspondientes a cada uno de los objetivos especificados en el capítulo 3.

Capítulo 8: Devolución de resultados. En este capítulo se describe la difusión y devolución de los resultados a los entes que regulan los estudios del patrimonio arqueológico, y a las comunidades de pertenencia, cumpliendo así con lo estipulado en la Ley XI N°11 de la provincia del Chubut y su Decreto Reglamentario N° 1387/98.

Capítulo 9: Conclusiones. Se presentan las conclusiones a partir de los resultados obtenidos en esta tesis así como la investigación a ser desarrolladas a futuro.

CAPÍTULO 2: ESTADO DE LA CUESTIÓN

2.1 Poblamiento sudamericano con enfoque en la región patagónica

El poblamiento del continente americano ha sido objeto de debate desde hace varias décadas, llegando a abordarse desde múltiples disciplinas con el fin de dilucidar los patrones de dispersión humana y los tiempos de poblamiento. De especial interés ha sido Sudamérica, ya que este subcontinente presenta elementos únicos relacionados con la movilidad, las estrategias de subsistencia y la respuesta a cambios ambientales de sus pobladores iniciales (Sutter, 2020).

Basado en el análisis cualitativo de 1.600 sitios arqueológicos que cumplían los requerimientos de autenticidad establecidos por los autores, Prates et al. (2020) estimaron la entrada de los humanos modernos a América del Sur entre los 16.600 y los 15.100 años *cal* AP¹, lo que se condice con las estimaciones obtenidas por estudios genéticos (Bodner et al., 2012; Gómez-Carballa et al., 2018). Una vez ingresado el *Homo sapiens* a Sudamérica por el estrecho de Panamá, las hipótesis respecto de las rutas migratorias subsiguientes varían desde una rápida dispersión por la vertiente del Pacífico (Bodner et al., 2012; Raghavan et al., 2015; Rothhammer & Dillehay, 2009), hasta una dispersión por la vertiente atlántica (Anderson & Gillam, 2000; Miotti & Salemme, 2003). Además, se ha postulado la hipótesis de que ambas olas dispersivas hayan coexistido como grupos migrantes independientes que divergieron en el norte de Sudamérica (Gruhn, 1994). No obstante, como se mencionará, el registro cronológico para la vertiente atlántica, es miles de años más moderno que el del litoral del Pacífico, ya que al momento, no se han descrito yacimientos arqueológicos anteriores al Holoceno medio (7400 a 400 años AP) (Zangrando, 2018).

La primera de estas hipótesis (dispersión por la costa pacífica) se basa, principalmente, en la existencia de sitios arqueológicos con dataciones radiocarbónicas de fines del Pleistoceno ubicados sobre la ladera andina occidental, entre ellos el más antiguo es el sitio Monte Verde II, a 35 km de Puerto Montt (Chile) datado en 12.780 ± 240 años AP (Tabla 1). Hacia el sur, se ubican los sitios Cueva del Medio y Cueva Lago Sofía ambos ubicados en Última Esperanza (Magallanes, Chile sur) cuyas dataciones validadas arrojaron fechados de 11.120 ± 130 y 10.710 ± 70 años AP, respectivamente (Prates et al., 2020). Los sitios de ocupación temprana al norte del paralelo 41°S apoyan la idea de una dispersión rápida hacia la región sur del continente, pasando las cordilleras colombianas o surcando la costa pacífica al final

¹ Todas las edades reportadas en el desarrollo de esta tesis corresponden a dataciones radiocarbónicas antes del presente (¹⁴C AP), a no ser que se especifique lo contrario (*cal*). Por convención se considera el presente como el año 1950 de nuestra Era.

del Pleistoceno, hace aproximadamente 15.500 años *cal* AP (Prates et al., 2020). Al sur del mencionado paralelo, esta dispersión estuvo impedida, o al menos dificultada, por condiciones climáticas desfavorables para el asentamiento humano, tales como la presencia de grandes áreas cubiertas por glaciares (Figura 1), la inestabilidad costera debido a las variaciones del nivel del mar y los ecosistemas terrestres pericosteros poco productivos (Borrero & Martín, 2018; Martín & Borrero, 2017 en Zangrando 2018). Para aquellos sitios más australes, como Cueva del Medio y Cueva Lago Sofía, se hipotetiza una colonización desde las estepas del este de Patagonia y no sólo una expansión de norte a sur, la cual se habría visto interrumpida por la presencia de los glaciares, propiciando el cruce de la cordillera y el desplazamiento por el borde oriental hacia el sur (Martín & Borrero, 2017; Méndez et al., 2018). Esta hipótesis estaría sustentada por sitios de la meseta centro y sur santacruceña, como Cerro Tres Tetos, Piedra Museo y La Gruta 1 y 2, los cuales presentan dataciones más tempranas que aquellos sitios ubicados más al norte en la vertiente occidental de los Andes, como por ejemplo Chueco I, Cueva de la Vieja y Baño Nuevo 1 (Figura 1; Tabla 1). Sin embargo, para Méndez et al. (2018) esto resulta un modelo simplista dado que la mayor antigüedad de los sitios más australes en relación con los ubicados al norte de la Meseta Central de Santa Cruz, podrían indicar, simplemente, una preferencia de ocupación en tiempos más tempranos debido a mejores condiciones para el asentamiento en la transición Pleistoceno-Holoceno.

La hipótesis de una ruta migratoria hacia el Cono Sur de Sudamérica por la vertiente atlántica con posterior colonización del interior de la Meseta Central de Santa Cruz siguiendo el cauce de los ríos, aunque presenta varias problemáticas, es considerada plausible para el poblamiento inicial de Patagonia (Anderson & Gillam, 2000; Miotti & Salemme, 2003). Las dataciones más antiguas y confiables que sustentan esta hipótesis provienen (de norte a sur) del sitio Pay Paso 1 en Uruguay fechado en 10.930 ± 20 años AP y de los sitios localizados en la provincia de Buenos Aires, Argentina: Arroyo de Frías, Paso Otero 5 y Arroyo Seco 2 fechados entre ~ 12.170 y ~ 10.440 años AP (Figura 1; Tabla 1). Más al sur, en el litoral patagónico, no se registraron sitios anteriores al Holoceno medio que avalen una ocupación más temprana de este extenso sector costero, lo que significa una limitación para la comprobación de la hipótesis de colonización por la vertiente atlántica (Barberena et al., 2017; Zangrando, 2018). La falta de registros se le ha atribuido a la paleodinámica marina de fines del Pleistoceno e inicios del Holoceno que habría provocado la inundación de los sitios más antiguos (Borrero, 2001; Gómez Otero, Lanata & Prieto 1998; Miotti, 2006; Orquera & Gómez Otero, 2007; Ponce et al., 2011; Zubimendi et al., 2015). Sin embargo, hay que tener en consideración que la falta de sitios también podría deberse a un sesgo muestral en la zona (Cruz et al., 2015; Gómez Otero et al., 1998; Kokot, 2004; Orquera & Otero, 2007; Zubimendi et al., 2015) y que los procesos geomorfológicos no han ocurrido de forma uniforme a lo largo

de la costa atlántica, encontrándose áreas donde ya se habría alcanzado la misma línea de costa que en tiempos de dispersión humana por esta vía (Favier Dubois et al., 2016, 2017; Ponce et al., 2011). Estas áreas constituyen, por lo tanto, potenciales puntos claves en el hallazgo de sitios tempranos que podrían avalar la hipótesis de dispersión por la vertiente atlántica (Favier Dubois et al., 2016). Tal es el caso del Golfo San Matías y Península Valdés en la actual provincia del Chubut, áreas cuya configuración ya sería similar a la de los tiempos de la transición Pleistoceno-Holoceno según Ponce et al. (2011 citado en Zangrando 2018).

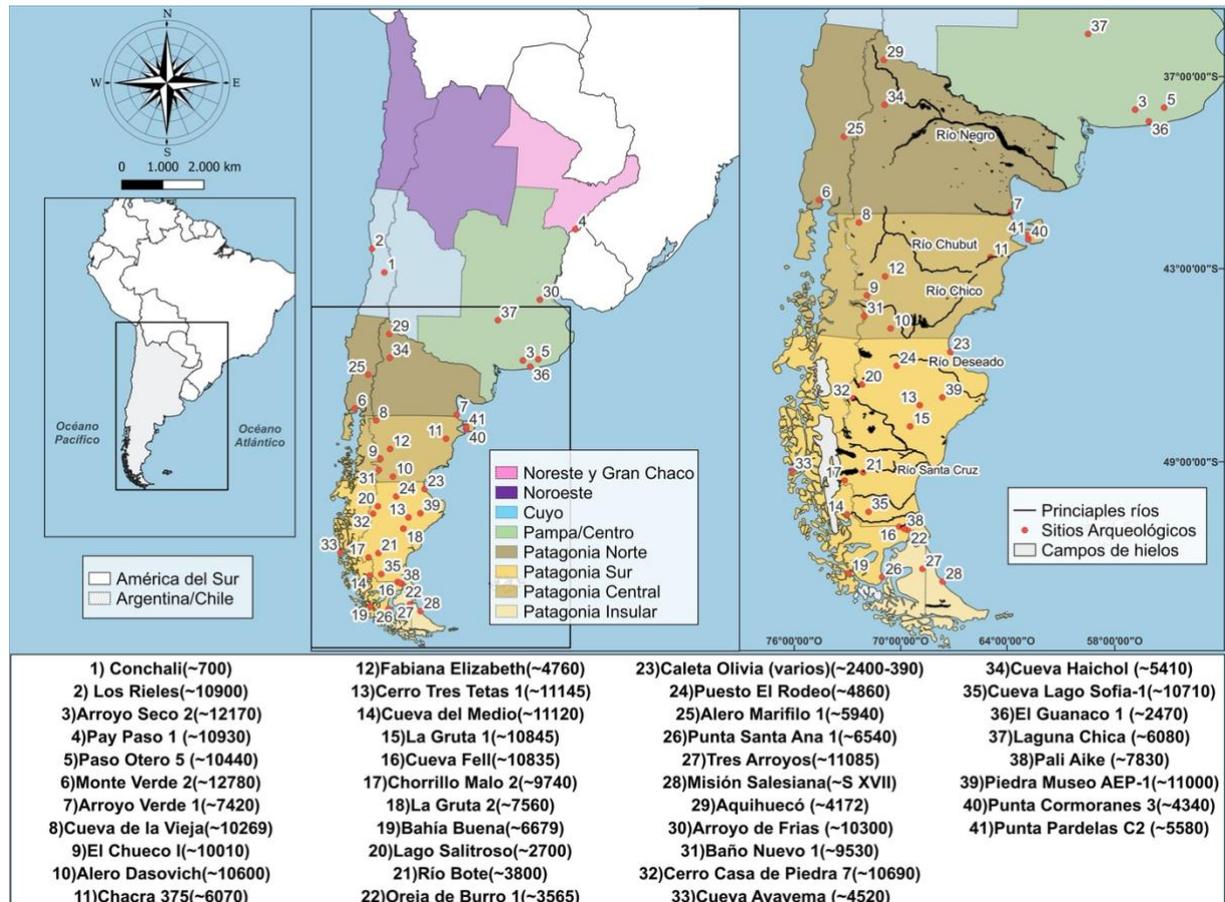


Figura 1: Sitios arqueológicos mencionados en el texto. Las regiones y sub-regiones establecidas se identifican con distinta coloración. Las dataciones aproximadas de los sitios se especifican en años radiocarbónicos antes del presente (¹⁴C AP) entre paréntesis.

Tabla 1: Información de los sitios arqueológicos mencionados en el texto y sus respectivas citas de referencia.

Región	Ubicación aproximada	Sitio arqueológico	Datación ¹⁴C AP	Referencia
<i>centro de Chile</i>	Región Metropolitana de Santiago, Chile	Conchali	650 ± 24	[1]
<i>Pampa</i>	Región IV Coquimbo, Chile	Los Rieles	9815 ± 30	[1]
	sur de Buenos Aires	Arroyo Seco 2	12170 ± 45	[2]
	norte de Uruguay	Pay Paso 1	10930 ± 20	[3]
	sur de Buenos Aires	Paso Otero 5	10440 ± 100	[4]
	noreste de Buenos Aires	Arroyo de Frías	10300 ± 60	[5]
	sur de Buenos Aires	El Guanaco 1	2470 ± 60	[6]; [7]
<i>Patagonia norte</i>	sur de Buenos Aires	Laguna Chica	6080 ± 15	[1]; [8]
	Región X Los Lagos, Chile	Monte Verde 2	12780 ± 240	[9]
	sureste de Río Negro	Arroyo Verde 1	7420 ± 90	[10]
<i>Patagonia central</i>	Neuquén	Aquihuecú	4172 ± 55	[11]
	Neuquén	Cueva Haichol	5410 ± 110	[12]
	suroeste de Chubut	Cueva de la Vieja	10269 ± 43	[13]
	Región XI Aysén, Chile	El Chueco I	10010 ± 60	[14]
	Región XI Aysén, Chile	Baño Nuevo 1	9530 ± 25	[14]
	Región X los Lagos, Chile	Archip. Los Chonos	5370 ± 30	[15]
	sur-oeste Chubut	Alero Dasovich	10600 ± 160	[16]
	centro-este de Chubut	Chacra 375	6070 ± 80	[17]
	noreste de Chubut	Punta Pardelas C2	5580 ± 90	[17]
	noreste de Chubut	Punta Cormoranes	4340 ± 70	[17]
<i>Patagonia sur</i>	oeste de Chubut	Fabiana Elizabeth	4760 ± 54	[18]
	centro-este de Santa Cruz	Cerro Tres Tetras 1	11145 ± 60	[19 y 20]
	Región XII Magallanes, Chile	Cueva del Medio	11120 ± 130	[21]
	centro-este de Santa Cruz	Piedra Museo	11000 ± 65	[19 y 22]
	centro-este de Santa Cruz	La Gruta 1	10845 ± 61	[23]
	Región XII Magallanes, Chile	Cueva Fell	10835 ± 50	[24]
	Región XII Magallanes, Chile	Cueva Lago Sofia1	10710 ± 70	[22]
	centro-oeste de Santa Cruz	Casa de Piedra 7	10690 ± 72	[25]
	suroeste de Santa Cruz	Chorrillo Malo 2	9740 ± 50	[26 y 22]
	Región XII Magallanes, Chile	Pali Aike	7830 ± 60	[27]
	centro-este de Santa Cruz	La Gruta 2	7560 ± 30	[28]
	Región XII Magallanes, Chile	Cueva Ayayema	4520 ± 60	[29]
	Región XII Magallanes, Chile	Bahía Buena	6679 <i>cal</i>	[30]
	noroeste de Santa Cruz	Lago Salitroso	2586 ± 54	[31]
	cuenca superior del río Santa Cruz	Río Bote	3800 ± 25	[32]
<i>Patagonia insular</i>	Región XII Magallanes, Chile	Oreja de Burro 1	3565 ± 45	[33 y 34]
	noreste de Santa cruz	Caleta Olivia (varios)	2400-390	[35]
	noroeste de Santa Cruz	Puesto El Rodeo	4860 ± 150	[36]
	X Región Los Lagos, Chile	Alero Marifilo 1	5940 ± 40	[37]
	Región XII Magallanes, Chile	Punta Santa Ana 1	~6500	[38]
	Región XII Magallanes, Chile	Tres Arroyos	11085 ± 70	[22]
	centro-este de Tierra del Fuego	Misión Salesiana	S XVII	[39]

Posth et al. (2018); [2] Politis et al. (2016); [3] Suárez, R. (2015); [4] Martínez et al. (2015); [5] Politis & Bonomo (2011); [6] Motti et al. (2023); [7] García et al. (2021); [8] Roca-Rada et al. (2021); [9] Dillehay & Pino (1997); [10] Prates, Politis & Steele (2013); [11] Pérez et al. (2009); [12] Fernández & Panarello (2001); [13] Méndez et al. (2018); [14] Reyes et al. (2007); [15] Reyes et al. (2019) [16] Aguerre et al. (2017); [17] Gómez Otero (2006); [18] Scheinsohn et al. (2017); [19] Paunero (2003); [20] Steele & Politis (2009); [21] Nami & Nakamura (1995); [22] Miotti & Salemme (2003); [23] Brook et al. (2015); [24] Waters et al. (2015); [25] Aschero et al. (2007); [26] Franco & Borrero (2003); [27] Neves, Powell & Ozolins (1999); [28] Franco et al. (2013); [29] Moreno-Mayar et al. (2018); [30] Balentine et al. (2022); [31] Arencibia et al. (2019); [32] Moraga et al. (2016); [33] Franco et al. (2017); [34] L'Heureux & Barbarena (2008); [35] Arencibia et al. (2022); [36] Gradin & Aguerre (1994); [37] Mera & García

(2004); [38] Ortíz-Troncoso (1975); [39] Motti et al. (2020). *Las dataciones se expresan en años radiocarbónicos (^{14}C) a no ser que se especifique lo contrario. Nota: para la confección de esta tabla se utilizó como base el trabajo de Prates, Politis & Perez (2020).

Se han aplicado múltiples estrategias y métodos de campo para sortear las limitaciones presentadas por las variaciones en las líneas de costa con el objetivo de evaluar la presencia de asentamientos humanos sobre la vertiente atlántica con anterioridad al Holoceno medio (Gómez Otero, 2018). Sin embargo y, a pesar de que son varios los autores que sostienen que la costa patagónica continental habría sido ocupada desde tiempos anteriores (Gómez Otero et al., 1998; Miotti & Salemme, 2003; Zubimendi et al., 2015), estas estrategias no han mostrado, hasta el momento, evidencia de ocupaciones previas al Holoceno medio en la costa norte del golfo San Matías, en la costa norte del Chubut ni en la costa norte de Santa Cruz (Gómez Otero, 2018).

Más allá de las discrepancias en las rutas de poblamiento del sur de Sudamérica, existe consenso respecto de que la región patagónica significó, como se refiere Borrero (2001, p. 51) el “Último Confín de la Tierra” en ser poblado por el *Homo sapiens* en su recorrido por el continente. Según el registro arqueológico esto habría ocurrido hacia el Pleistoceno final hace aproximadamente unos 12.570 años AP (14.211-15.015 años *cal* AP) (Dillehay & Pino, 1997), consistente con las estimaciones de Prates et al. (2020), que sugieren una ocupación inicial de entre 14.300 a 13.000 *cal* años AP. Si nos restringimos a Patagonia central, área de interés de esta tesis doctoral, el sitio arqueológico de mayor profundidad temporal con evidencia de actividad humana es Arroyo Verde 1, ubicado en el límite entre las provincias de Río Negro y Chubut (41° 54`S) y datado en 7420 ± 90 años AP (Gómez Otero, 2006) (Figura 1; Tabla 1). Si se toma como evidencia directa la presencia de restos óseos humanos en los sitios arqueológicos, esta no supera los 10.000 años AP para América del Sur, siendo, entonces, la evidencia más temprana para Patagonia el sitio Baño Nuevo 1 ubicado en XI Región chilena, Aisén (Patagonia central andina) con fechados de entre 8945 ± 40 y 9020 ± 30 años AP (Jackson et al., 2015; Mena et al., 2000).

En lo que respecta al nordeste de la provincia del Chubut, el fechado más antiguo realizado directamente sobre hueso humano corresponde a un individuo adulto de sexo masculino encontrado en el sitio Chacra 375, ubicado en el valle inferior del río Chubut (Figura 1) y datado en 6070 ± 80 años AP (Gómez Otero, 2006). A este le siguen los dos individuos del sitio Fabiana Elizabeth fechados en 4760 ± 54 y recuperados en el valle del Genoa, al oeste de la provincia (Scheinsohn et al., 2017). Restos humanos de antigüedad similar fueron hallados en otros sitios de la Patagonia: en la provincia de Santa Cruz en el sitio Puesto El Rodeo (4860 ± 150 ; Gradin & Aguerre 1994), en la provincia de Neuquén en los sitios

Aquihuecó (4172 ± 55 ; Pérez et al. 2009) y Cueva Haichol (5410 ± 110 ; Fernández & Panarello 2001) y en la X y XI Región chilena, respectivamente, en los sitios Alero Marifilo 1 (5940 ± 40 ; Mera & García 2004) y Punta Santa Ana 1 (6540 ± 110 ; Galimany et al. 2017) (Figura 1; Tabla 1).

Méndez et al. (2018) destacan que la Patagonia no debe ser considerada homogéneamente poblada debido a la gran diversidad de ambientes que ofrece y a su gran extensión, la cual incluyó extensas capas de hielo durante el Pleistoceno tardío, lo que se supone presentó importantes desafíos para la dispersión humana. Dado que esta región fue uno de los últimos lugares en ser poblado por el humano moderno, el estudio de sus pobladores ancestrales y sus relaciones con otras comunidades a nivel inter e intra regional, es fundamental para comprender el proceso de poblamiento de América en su conjunto. Es debido a su heterogeneidad que se torna imprescindible adoptar un abordaje local y contextualizado de las diferentes sub-regiones que componen la región patagónica. Este abordaje permitirá obtener un panorama más preciso sobre los patrones dispersivos, estrategias adaptativas y relaciones sociales de las poblaciones indígenas que habitaron tempranamente la región.

El marco de esta tesis se enfoca en el **Nordeste de la provincia del Chubut**, que incluye, **la costa norte** y el **valle inferior del río Chubut**. Ésta área forma parte de la Patagonia central, que consideramos se extiende entre los paralelos 42°S y 46°S (Figura 1). Cabe mencionar que la Patagonia central careció de asentamientos europeos hasta 1779, año en el cual se estableció un asentamiento militar español llamado Fuerte San José en la Península Valdés (Buscaglia et al., 2012). Sin embargo, este asentamiento llegó a su fin en 1810 y no fue hasta 1865 cuando un grupo de personas galesas se estableció de forma permanente en el valle inferior del río Chubut (Jones, 2015). Atendiendo a este dato y al rango temporal de la muestra poblacional a ser explorada en este trabajo que abarca desde los ~ 6070 hasta los ~ 200 años AP con una concentración de individuos asignados al Holoceno tardío² y fechados entre los 3000 y 1200 años AP, se utilizarán las evidencias arqueológicas como base fundamental para el planteamiento de los objetivos e hipótesis.

2.2 El área de estudio

La información presentada a continuación proviene, principalmente, de las investigaciones realizadas en el Nordeste de la provincia del Chubut, en dos ambientes adyacentes: la Costa Norte, comprendida entre la desembocadura de Arroyo Verde ($41^{\circ}09' \text{ S} / 65^{\circ}06' \text{ O}$) y la desembocadura del río Chubut ($43^{\circ}22' \text{ S}$ y $65^{\circ}03' \text{ O}$); y el valle inferior del río Chubut,

² Se tomarán las divisiones temporales de Gómez Otero y Svoboda (2022) donde definen el Holoceno medio entre los 3990 a 200 años AP

entendido entre su desembocadura en Bahía Engaño y 90 km hacia el interior, en lo que coincide con la localidad Veintiocho de Julio (43°23'26"S / 65°50'22"O). Estas investigaciones estuvieron a cargo del equipo de arqueólogos y antropólogos liderados por la Dra. Julieta Gómez Otero y la Dra. Silvia Dahinten del IDEAus-CONICET y por colegas de otras instituciones.

El ambiente

En principio, cabe aclarar que, excepto el individuo CNP_ABI_047 del sitio Chacra 375, de 6070 ± 80 años AP de antigüedad, el resto de la muestra poblacional se enmarca en un lapso de entre los 3000 y los 200 años AP. Según diversos estudios paleoambientales para entonces, y en líneas generales, ya se habían instalado en Patagonia las condiciones ambientales del presente (Borrero, 2001, pp. 15-46; Ponce et al., 2011). Por lo tanto, en esta tesis sólo se describirá el ambiente actual.

En la región de la Patagonia central, se observa una diversidad de ambientes que se suceden de oeste a este, incluyendo la cordillera, la precordillera, las mesetas interiores y la costa. Esta configuración geográfica genera una gradación altitudinal, climática y vegetacional, donde la cordillera presenta una topografía montañosa, un clima húmedo y boscoso, mientras que las mesetas interiores exhiben un ambiente estepario y las planicies costeras son áridas (Gómez Otero & Bellelli, 2006). La cadena montañosa de los Andes atraviesa la región, con alturas máximas de 4.000 metros sobre el nivel del mar que decrecen hacia el sur y que presenta pasos que permiten la conexión relativamente accesible entre sus vertientes oriental y occidental. Dentro de esta sub-región, se encuentran diferentes tipos de litorales: golfos, mar abierto y el estuario del río Chubut. El paisaje se caracteriza por una serie de mesetas conectadas con altitudes bajas (inferiores a los 100 metros sobre el nivel del mar), así como terrazas marinas y acantilados que se alternan con playas de arena o de piedras (Bouza et al., 2017; Súnico, 1996 citados en Gómez Otero & Svoboda, 2022). La zona intermareal es extensa con un relieve suave, permitiendo el acceso al mar a través de pendientes pronunciadas o "descensos," terrazas marinas de poca altura y barrancos.

En cuanto al Nordeste de la provincia del Chubut, área de estudio de la presente tesis, y con relación a los recursos hídricos, el río Chubut es el principal cauce permanente, siguiendo en importancia los manantiales que alimentan las salinas de la Península Valdés. Además, se presentan fuentes de agua transitorias, como lagunas de tamaño reducido y el arroyo Verde, que pueden retener agua durante las épocas lluviosas (Gómez Otero, 2006, p. 35). En el extremo norte del área de estudio, se encuentran los golfos San Matías, San José y Nuevo. El golfo San Matías es el más grande, con una superficie de aproximadamente 18.000 km²,

mientras que los golfos San José y Nuevo son de menor tamaño, con superficies de 800 km² y 2.400 km² respectivamente (Figura 2). Estos golfos presentan plataformas poco profundas y las aguas en su interior exhiben una amplitud térmica mayor y una salinidad más alta en comparación con las aguas del océano Atlántico (Gómez Otero, 2006, p. 73).



Figura 2: Ubicación de la microrregión Península Valdés (PV) en la provincia del Chubut con la disposición de los sitios arqueológicos con evidencia de haber sido bases residenciales (puntos rojos y naranjas) y campamentos transitorios (puntos violetas). Los pentágonos amarillos representan sitios con hallazgo de cerámica (1); Vasijas arqueológicas de cerámica (2); Recursos líticos y minerales (3) utilizados para la confección de tecnología lítica como herramientas de piedra tallada: a) raspadores, b) puntas de proyectil, c) cuchillos, d) martillos, e) yunque, f) pesos de piedra para la pesca, g) núcleos (4) y herramientas de molienda y corte: a) piedra de moler plana; b) herramienta hecha de un hueso fósil de cetáceo, c) mortero, d) mazas, y e) bola (5). Fuente: Las imágenes fueron tomadas y el mapa modificado de Gómez Otero, Schuster & Banegas (2017).

En términos climáticos, el área de estudio presenta un clima árido-templado, con temperaturas medias anuales que oscilan entre los 8 y 13°C y precipitaciones escasas de 130 a 250 mm al año. Los vientos, especialmente los del oeste, son frecuentes e intensos, y en la costa también se observan vientos importantes provenientes del norte (Gómez Otero, 2006, p. 75). Estas condiciones climáticas han dado lugar a una vegetación adaptada a la aridez y a los vientos, destacando matorrales y pastos duros con algunas especies vegetales con partes aptas para el consumo (Gómez Otero & Bellelli, 2006).

La costa norte se presenta como un área sumamente productiva en recursos alimenticios tanto faunísticos terrestres (guanacos, armadillos y choiques, entre los principales), como marinos (moluscos, peces, cormoranes, pingüinos de Magallanes, lobos y elefantes marinos) (Gómez Otero, 2006, 2007; Svoboda, 2019). Además, ofrece plantas con partes comestibles como las vainas y las semillas de los algarrobos, las bayas del piquillín, el tubérculo del macachín y las hojas y los frutos de cactáceas como *Opuntia* y *Maihueniopsis*, que, según estudios de cromatografía gaseosa en cerámica y de isótopos estables de carbono 13 y nitrógeno 15 en restos humanos y en residuos adheridos a tiosos cerámicos, fueron parte importante de la dieta de los antiguos habitantes del área bajo estudio (Gómez Otero, 2006, 2007, 2007; Gómez Otero, Constenla, et al., 2014; Gómez Otero, Schuster & Banegas 2017; Gómez Otero, Schuster & Svoboda, 2014). Se suman a estos recursos la presencia de materia prima de buena calidad para la confección de herramientas tecnológicas como puntas de proyectil, boleadoras, cuchillos, raspadores y artefactos de molienda (Banegas et al., 2016) además de arcillas muy adecuadas para la cerámica (Gómez Otero, Constenla, et al., 2014; Schuster, 2014).

Dentro de la *costa norte*, Península Valdés cuenta con diversas características que hacen de esta microrregión un área favorable para el desarrollo humano, tales como la ausencia de barreras geográficas internas que facilitan el acceso y conexión rápida entre los diferentes tipos de costas, su topografía baja y de fácil acceso al océano, y la presencia de cavidades y de pequeñas cuevas que podrían haber ofrecido refugio para humanos y animales, entre otras ventajas (Gómez Otero et al., 2017). Una de las características más importantes en esta microrregión es la presencia de las salinas Grande, Chica y el Gran Salitral, de las cuales, las dos primeras ofrecen agua dulce perennes, es decir, son un suministro permanente de agua consumible (Figura 2). Estas, junto con otros reservorios temporales de agua, constituyen una característica fundamental para el asentamiento humano.

Por su parte, con aproximadamente 800 km de extensión, el río Chubut constituye el cauce de agua más extenso de la provincia. Su nacimiento en la precordillera andina y su desembocadura en el océano Atlántico, conecta los ambientes de la cordillera, la meseta y la

costa y lo constituye como un posible corredor natural para el desplazamiento de las poblaciones humanas (Schuster & Massaferro, 2019). Como es una de las pocas fuentes permanentes de agua dulce de la provincia, el valle inferior del río Chubut se presenta como un ambiente con características propicias para el asentamiento y desarrollo humano. Sumado a esto, en la zona se encuentran diversos recursos faunísticos, entre los que se destacó, entre sus pobladores iniciales, el consumo como la perca, el coipo y aves acuáticas, por sobre el consumo del guanaco y otros vertebrados terrestres (Svoboda, 2019; Svoboda & Gómez Otero, 2015). Además, existe vegetación autóctona comestible, rocas y minerales disponibles a lo largo del río y la costa para la fabricación de herramientas (Banegas & Goye, 2015), así como cuevas y paredones rocosos que brindan protección contra las condiciones climáticas extremas (Schuster & Massaferro, 2019) (Figura 3).

En síntesis, teniendo en cuenta las características ambientales descriptas, en esta tesis se distinguen dos microrregiones: **Península Valdés** (en adelante PV) y el **valle inferior del río Chubut** (en adelante VIRCH). Las microrregiones aquí definidas son áreas geográficas que presentan rasgos particulares y ventajosos para el asentamiento y desarrollo de la vida humana. La evidencia recopilada a través de estudios arqueológicos respalda esta afirmación, como se podrá apreciar seguidamente.

2.3 Antecedentes en investigación: estudios bioarqueológicos en poblaciones ancestrales del Nordeste de la provincia del Chubut

Cabe aclarar que son extensos los estudios y enfoques que ha utilizado el equipo de arqueólogos y antropólogos del IDEAus-CONICET con el objetivo de aportar conocimiento sobre estilos de vida, estrategias de subsistencia de las poblaciones cazadoras-recolectoras de la zona y los rangos de movilidad y redes de contactos que estas podrían haber mantenido con grupos alóctonos y autóctonos de la región patagónica. Para evaluar estos aspectos se han realizado estudios de tecnología lítica (Banegas et al., 2014, 2016, 2018, 2020; Banegas & Goye, 2015), tecnología cerámica (Schuster, 2010, 2014, 2015; Schuster & Sánchez, 2019), análisis de representaciones simbólicas (Gurin et al., 2021) prácticas mortuorias y registros funerarios (Gómez Otero, 2012; Gómez Otero & Dahinten, 1998) uso del espacio y movilidad (Gómez Otero, 2003; Gómez Otero & Stern, 2004; González José et al., 2001), estudios de diversidad morfológica craneana y postcraneana (Gómez Otero & Dahinten 2006), dieta a través de isótopos estables de carbono 13 y nitrógeno 15 (Gómez Otero, 2007), salud bucal (Gómez Otero & Novellino 2011) y registros arqueofaunísticos (Svoboda, 2013; Svoboda et al., 2019; Svoboda & Gómez Otero, 2015), entre otros trabajos y enfoques.

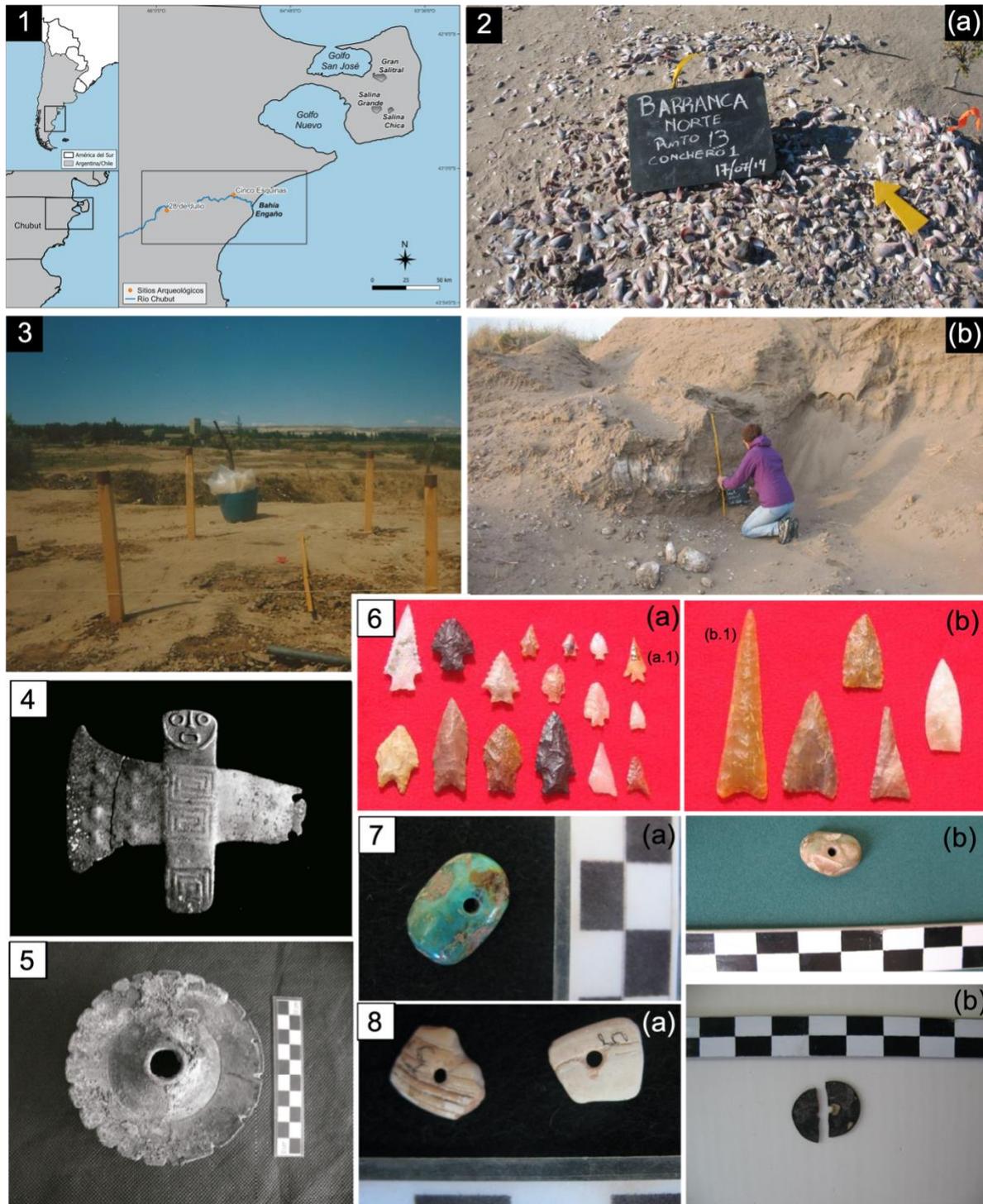


Figura 3: Ubicación de la microrregión valle inferior del río Chubut (VIRCH), comprendida entre la desembocadura del río en Bahía Engaño y la localidad 28 de Julio (aproximadamente 90km hacia adentro) (1); sitio Barranca Norte, ubicado en Bahía Engaño (2): conchero chato (a) y en estratigrafía (b); sitio Cinco Esquinas (sector elevado sobre albardones) (3); hacha de bronce presuntamente de los Valles Calchaquíes (4) y objeto circular de bronce, similar a una porra andina (5) rescatada del sitio Rawson (Gómez Otero & Dahinten 1998); variabilidad de puntas de proyectil halladas en diferentes sitios de PV y del VIRCH (6): punta pedunculada hallada en el sitio Rawson (a.1) y apedunculada del sitio Barranca Norte (b.1) (véase Gómez Otero, Banegas et al., 2009); artefactos formatizados por talla y cuentas de valvas (7 y 8) hallados en el sitio Loma Torta (7b y 8b) y en el sitio Cinco Esquinas (7a y 8a). Fotos: cortesía de Soledad Goye.

Excede a los fines de esta tesis desarrollar los resultados obtenidos en todos los trabajos mencionados, por lo que se acotará la información aquí presentada a los principales resultados que evidencian diferencias microrregionales con relación a los grupos humanos que habitaron el Nordeste de la provincia del Chubut, dado que son el fundamento del planteamiento de las hipótesis y objetivos de la presente tesis doctoral.

Cronología y uso del espacio

Las investigaciones arqueológicas iniciadas en la década del noventa y aún en desarrollo, indican ocupaciones tanto en la **costa norte** como en el **VIRCH** que se remontan al Holoceno medio. Como ya se mencionó, el sitio más antiguo con evidencia de ocupación humana es Arroyo Verde 1 (7420 ± 90 años AP) (Gómez Otero, 2006, p. 133). En antigüedad le sigue el ya mencionado individuo del sitio Chacra 375 ubicado en el VIRCH, fechado en 6070 ± 80 años AP y edades de entre 5580 y 4380 años AP obtenidas de contextos arqueológicos localizados en la costa del golfo Nuevo (Gómez Otero & Svoboda, 2022). Los fechados de menor antigüedad en ambos ambientes son de 200 años AP, lo que indica varios milenios de ocupación humana y uso del espacio.

Durante ese período, el Nordeste del Chubut estuvo habitado por grupos de cazadores recolectores de baja densidad demográfica y reducido número de individuos, con predominancia de sus asentamientos en el perímetro litoral y en el valle inferior y desembocadura del río Chubut, según se pudo inferir por la disminución de la concentración de enterratorios a medida que aumenta la distancia a la costa y al mencionado río (Gómez Otero, 2006). En cuanto al uso del espacio, las poblaciones de la costa se asentaron mayormente cerca de bancos fijos de moluscos. En PV, si bien se hallaron evidencias de asentamientos próximos a las salinas, estos no fueron los más numerosos y existen indicadores que muestran que funcionaron como asentamientos transitorios (Figura 2). Esto sugiere que las poblaciones preferían la inmediatez a los recursos marinos, desplazándose hacia las salinas para la colecta de agua dulce o bien, usando los reservorios temporales de lluvia presentes en la costa, como los médanos y las lagunas temporales. Una síntesis de los 20 años de estudios realizados en la microrregión PV la ofrece el trabajo (Gómez Otero et al., 2017). Por su parte, el registro en el VIRCH indica que los grupos humanos se asentaron sobre los albardones o terrazas del río y que consumieron animales terrestres y dulceacuícola, en especial coipos y percas (Gómez Otero, Moreno & Schuster, 2010; Svoboda & Gómez Otero, 2015).

Los análisis radiocarbónicos permitieron identificar cambios a través del tiempo, tales como un aumento de la concentración de sitios, tanto en la costa norte como en el VIRCH a partir

del Holoceno tardío (~3200 años AP). Sin embargo, en la costa norte se registró un decrecimiento de los mismos hacia los 250 años AP (Gómez Otero, 2007; Gómez Otero et al., 2017; Gómez Otero & Bellelli, 2006). Este decrecimiento, que también fue observado en otros sectores del litoral de la Patagonia, estaría asociado a la adopción del caballo, lo que propició cambios culturales y en la movilidad como, por ejemplo, el abandono de las rutas costeras, poco aptas para los requerimientos alimenticios de este animal por la carencia de agua dulce y pastos blandos (Gómez Otero & Moreno, 2015; Gómez Otero & Svoboda, 2022).

Hasta el momento, se ha realizado el rescate arqueológico de 82 enterratorios³ ubicados en diferentes microrregiones de la provincia del Chubut. Los estudios llevados a cabo en la zona, permitieron identificar dos grandes concentraciones de enterratorios que podrían estar indicando nodos poblacionales independientes: uno en la microrregión **PV** (Figura 2) y, otro, en la microrregión **VIRCH** (Figura 3). En abundancia de sitios, sigue la franja costera fuera de PV, en especial la del golfo Nuevo Sur al norte de la provincia (Gómez Otero, 2006; Gómez Otero, Weiler et al., 2009).

Movilidad y contactos: evidencias desde el registro tecnológico y materiales asociados a enterratorios

A partir de los extensos estudios realizados por los grupos de trabajos consolidados en Patagonia central argentina, y en base a evidencias de materias primas, manufacturas y bienes de procedencia alóctona (abordado sucintamente a continuación) se observó, tanto para la microrregión PV como para el VIRCH, un aumento en la circulación de materias primas, manufacturas y bienes a partir de los 1000 años AP (Banegas et al., 2020; Banegas & Goye, 2015; Gómez Otero, 2003; Gómez Otero et al., 2011; Schuster, 2014) y una expansión de motivos de arte rupestre (Gurin et al., 2021) consistente con la evidencia generalizada para Patagonia que demuestra un aumento de los contactos hacia el Holoceno tardío.

El hallazgo de materiales asociados de procedencia extrarregional en un osario compuesto por 14 individuos del sitio Rawson, ubicado en el VIRCH y fechado en el límite pre y post período hispánico es un caso que ejemplifica el amplio rango de redes de interacción que estos grupos poblacionales tenían con poblaciones dentro y fuera de la región. Entre los materiales asociados a dos adultos, un infantil y un juvenil datados entre ~270 y ~200 años AP, se hallaron chaquiras de turquesa y malaquita, piezas textiles y objetos de metal obtenidos

³ Los rescates fueron llevados a cabo en respuesta a denuncias de hallazgos fortuitos de restos humanos en peligro de destrucción, en cumplimiento de la Ley Nacional N° 25.517 y las Leyes provinciales V N° 160 y XI N°11, con la autorización de la Subsecretaría de Cultura y la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut, y bajo la supervisión y autorización de veedores designados por las comunidades originarias.

por fundición, técnicas no propias del área en la cual fueron encontrados (Gómez Otero, 2003, 2012; Gómez Otero & Dahinten, 1998) (Figura 3). Los estudios realizados sobre estos artefactos llevaron a hipotetizar su circulación desde regiones lejanas (Noroeste argentino, norte de Chile, Bolivia o Perú) por grupos intermediarios (Gómez Otero, 2012; Gómez Otero & Dahinten, 1998). Otros bienes asociados a estos individuos fueron cuentas de vidrio de procedencia europea, único registro de materiales de este origen en el área de estudio (Figura 3). En la costa norte también se han identificado vasijas cerámicas con rasgos decorativos procedentes posiblemente de Neuquén, Río Negro y del centro-sur de Chile asimilables a la cultura Pitrén (Schuster, 2014, 2015). Asimismo, se comprobó la circulación de rocas alóctonas para la confección de artefactos líticos entre las que se destacan, tanto para PV como para el VIRCH, diferentes tipos de obsidias que cuyas fuentes de abastecimientos se localizan a 180 y 330 km al oeste y a 800km al sur del Istmo Ameghino (centro-norte de Santa Cruz) (Gómez Otero & Stern, 2004; Goye et al., 2022). Se registraron también otros tipos de rocas, como xilópalos y calcedonias procedentes de fuentes de abastecimientos de entre 100 y 450 km de distancia en dirección oeste y suroeste para ambas microrregiones (Banegas & Goye, 2015; Gómez Otero et al., 2011, 2017). La cronología obtenida para las obsidias, permite inferir un aumento de la circulación del material no local hacia tiempos posteriores a los 2000 años AP, lo que se corresponde con la intensificación de contactos y circulación de otros bienes identificados en gran parte de la Patagonia (Banegas & Goye, 2015; Gómez Otero et al., 2011, 2017). La ya mencionada presencia de cuentas de rocas ornamentales alóctonas de turquesa, malaquita y serpentina en la región del valle inferior y la desembocadura del río Chubut da cuenta también de una entramada red de contactos (Gómez Otero, 2003; Gómez Otero & Dahinten, 1998).

Análisis de costumbres funerarias realizados en el VIRCH y en PV también arrojaron diferencias entre ambas microrregiones. En este sentido, el registro bioarqueológico para la microrregión PV en el periodo comprendido entre los 3000 y 250 años AP, se caracterizó mayoritariamente por enterratorios individuales o dobles; mientras que en el VIRCH, se registraron numerosos entierros múltiples sobre todo a partir de los 1000 años AP (Gómez Otero & Dahinten, 1998, 2006). Este aumento de entierros múltiples en el Holoceno tardío final se debería a una mayor densidad demográfica, seguida de disminución de la movilidad residencial e incremento de la complejidad social (Gómez Otero, 2006, p. 386). A pesar de estas diferencias, tanto en la costa norte como en el VIRCH predominan los entierros primarios. Son pocos los entierros secundarios registrados hasta el momento y, a excepción de uno hallado en el VIRCH, estos fueron identificados en la costa. Entre los más antiguos se encuentra el sitio San Pablo 4 (PV), de alrededor de 3000 años de antigüedad (Gómez Otero & Svoboda, 2022).

2.4 Consideraciones sobre los antecedentes bioarqueológicos

Los estudios arqueológicos realizados en el área bajo estudio pusieron en juego nuevos interrogantes e hipótesis de trabajo para las poblaciones que habitaron el Nordeste de la provincia del Chubut durante el periodo comprendido entre los 6070 años AP hasta tiempos históricos (< 200 años AP). Estas evidencias, dieron sustento a la hipótesis del grupo de investigación de arqueología del IDEAus-CONICET sobre una reorganización social e innovación tecnológica asociadas a un aumento de los contactos interétnicos durante el Holoceno tardío (Banegas et al., 2020; Banegas & Goye, 2015; Gómez Otero, 2006; Gómez Otero & Bellelli, 2006). Asimismo, la evidencia recabada hace suponer la existencia de una amplia y entramada red de contactos no solo dentro del área de estudio, sino con grupos poblacionales por fuera de la región. Todas estas evidencias arqueológicas, permiten preguntarse si genéticamente pueden diferenciarse los dos nodos de enterratorios observados por evidencias arqueológicas en las microrregiones PV y VIRCH, y si los contactos entre los individuos del Nordeste de la provincia del Chubut y grupos autóctonos se limitaban al intercambio de bienes y materias primas o si también habría ocurrido intercambio genético o si habría linajes compartidos entre estos vínculos.

El estudio genético de poblaciones antiguas cobra, en este punto, especial relevancia. La “arqueogenética,” definida por Renfrew (2000) como la disciplina que se basa en la aplicación de técnicas de genética molecular para abordar preguntas de la historia de las poblaciones del pasado, ha abierto la posibilidad de abordar el estudio de las poblaciones ancestrales de forma directa a través del ADN. La potencialidad de la disciplina para esclarecer posibles afinidades genéticas entre diferentes grupos poblacionales y las posibles rutas migratorias tomadas por estos, ya ha sido abordado y debatido por diferentes autores (Crespo et al., 2010; Dejean et al., 2014; Orlando et al., 2021; O'Rourke et al., 2000; Pickrell & Reich, 2014; Rizzi et al., 2012; Wade, 2018; Willerslev & Cooper, 2005).

A fin de contextualizar el estado actual de la disciplina arqueogenética en la región patagónica, a continuación, se describirán los principales estudios genéticos llevados a cabo sobre muestras arqueológicas de individuos ancestrales de la Patagonia.

2.5 Antecedentes en investigación: estudios genéticos en poblaciones antiguas de la Patagonia

Como se mencionó, la Patagonia constituye una región⁴ clave para comprender los patrones de dispersión y divergencia de las poblaciones indígenas ya que fue, probablemente, la última región en ser ocupada por el humano moderno desde su entrada al continente americano por el estrecho de Bering hace aproximadamente entre 25.000 y 15.000 años AP (Llamas et al., 2020; Moreno Mayar et al., 2018; Raghavan et al., 2015). Asimismo, debido a su baja demografía, algunos autores consideran que la región es proclive a la diversificación genética con bajos niveles de variabilidad. Estos niveles habrían aumentado hacia el Holoceno tardío, período en el cual, la evidencia arqueológica avala una intensificación de contactos y movilización de las comunidades de forma generalizada en la región (Borrero, 2001).

Uno de los primeros estudios genéticos llevados a cabo en poblaciones ancestrales de Patagonia fue el de Lalueza-Fox et al. (1997). En este estudio, los autores determinaron a través de enzimas de restricción, método conocido como RFLP, los linajes mitocondriales de 60 individuos Selk'nam (u Onas⁵), Yámana (o Yagan), Kawesqar (o Alacalufes) y Aóniken. Estos individuos, procedentes de Tierra del Fuego, de la XII Región de Magallanes y Antártida chilena y del norte del Estrecho de Magallanes, datan de la segunda mitad del siglo XIX y del siglo XX. Lalueza-Fox et al. (1997) observaron, a nivel mitocondrial, la ausencia de los haplogrupos A y B y la presencia de C y D, con predominancia de este último haplogrupo en las poblaciones asignadas como Kawesqar y Aóniken y del haplogrupo C en Yámanas. Estas observaciones llevaron a proponer a los autores la ausencia de los linajes A y B en los migrantes iniciales que ingresaron a América, sin dejar de considerar la posibilidad del efecto de la deriva génica (Lalueza-Fox et al., 1997).

A partir del trabajo pionero de Lalueza-Fox et al. (1997) y con un crecimiento particularmente importante en las últimas décadas debido al desarrollo de las nuevas tecnologías y a la disminución de los costos de secuenciación, los estudios de ADN se expandieron en Argentina y Chile, con especial repercusión en Tierra del Fuego y la Región de Magallanes y

⁴ Como se especifica en el capítulo 4: Marco Teórico, de la presente tesis, se entenderá a la región Patagónica en su sentido amplio, tomado de Gómez Otero (2006, pp. 66-67), como la región geográfica comprendida entre el río Colorado al norte y el cabo de Hornos al sur, el océano Atlántico al este y el océano Pacífico al oeste. Asimismo, se subdividirá a la región patagónica en sub-regiones definidas como **Patagonia norte**, comprendida en su extremo norte por la latitud 36°10' S y en su extremo sur por el inicio de lo que se refiere a **Patagonia central**, comprendida entre los paralelos 42°S y 46°S (Gómez Otero y Bellelli, 2006). Por su parte **Patagonia sur** se delimita por los límites norte y sur de la actual provincia de Santa Cruz (46° y 52° S), mientras que **Patagonia insular** representa el área comprendida entre el margen sur del estrecho de Magallanes y el cabo de Hornos.

⁵ El término Onas es también identificado en la literatura etnográfica y científica y es, en realidad, un término asignado por los Yámanas (Bandieri, 2005).

de la Antártica Chilena, al punto de que, en la actualidad, constituye una de las áreas de la Patagonia más estudiadas (Di Fabio Rocca et al., 2021).

En cuanto a los estudios posteriores realizados en individuos ancestrales de Tierra del Fuego y de la Región de Magallanes, destacan los enfoques locales de Crespo et al. (2020), Motti et al. (2020), Nakatsuka et al. (2020), Moraga et al. (2010) y los de de la Fuente et al. (2015, 2018). Además, otros trabajos que no se centraron específicamente en la zona, han incorporado algunas muestras australes enmarcadas en objetivos continentales, como los estudios de Raghavan et al. (2015), Crespo, Russo et al. (2017) y Moreno Mayar et al. (2018).

De manera generalizada, los estudios realizados en Tierra del Fuego y la Región de Magallanes y Antártica chilena han revelado una baja diversidad genética, lo que da lugar a la posibilidad de que la población del extremo sur haya experimentado un proceso inicial de colonización con un tamaño poblacional efectivo reducido o episodios sucesivos de cuellos de botella. Esta observación ha sido consistente tanto en el análisis de datos autosómicos (de la Fuente et al., 2018; Nakatsuka et al., 2020) como en estudios de diversidad de ADN mitocondrial (ADNmt) (Crespo et al., 2020; de la Fuente et al., 2015, 2018; Lalueza-Fox et al., 1997) y de cromosoma Y (de la Fuente et al., 2015; García-Bour et al., 2004). Además, estos estudios han confirmado la presencia predominante de los haplogrupos C y D, y la ausencia del haplogrupo A, así como las diferencias en términos de frecuencias de haplogrupos mitocondriales para las poblaciones referidas como Kawesqar y Yámana. Por su parte, el haplogrupo B, ha sido identificado en la Región Magallanes en un individuo masculino del sitio Cueva Ayayema, fechado en 4520 ± 60 años AP (5308 – 4933 años *cal* AP; Moreno Meyer et al., 2018) y en un individuo femenino recuperado del sitio Bahía Buena, ubicado cerca de la actual ciudad chilena de Punta Arenas (Balentine et al., 2022). Este último, cuya datación se estima en 6679-6895 años *cal* AP, constituye el registro más antiguo y austral del haplogrupo B hallado hasta el momento. Estos junto con otros recientes hallazgos de este haplogrupo en poblaciones antiguas (Arencibia et al., 2019; Franco et al., 2017; Moraga et al., 2016), han llevado a replantear los escenarios posibles de origen y dispersión de este clado.

Hacia el Holoceno tardío, basados en datos de ADN autosómico, Nakatsuka et al. (2020) observaron cierta estructuración poblacional dentro de la Isla y Región de Magallanes, correlacionada, principalmente, con la geografía y el grupo lingüístico. Asimismo, determinaron la predominancia de ciertos sub-haplogrupos según el área analizada: D1g5 y C1c en la zona norte de Tierra del Fuego, C1b en el Canal de Beagle y la co-ocurrencia de C1b y D1g5 en Península Mitre (Nakatsuka et al., 2020). Además de algunas particularidades locales, a través del análisis de ADN autosómico, en ese trabajo también identificaron al menos tres pulsos de flujo génico consistentes con una dirección norte-sur que habría

configurado, en cierto grado, la composición genética del área bajo estudio. Uno de estos pulsos provendría de un individuo datado en 700 años AP y recuperado del sitio Conchali, ubicado en el centro de Chile (Figura 1; Tabla 1) (Nakatsuka et al., 2020). De forma similar, de la Fuente et al. (2018) observaron afinidades genéticas entre los individuos marítimos antiguos y poblaciones contemporáneas del centro-sur de Chile y Patagonia, continuidad que se estima, al menos, de 2000 años. Tal como los autores mencionan en ese trabajo, estas observaciones contrastan con la hipótesis de Llamas et al. (2016) sobre una discontinuidad de linajes mitocondriales en América debido a una disminución poblacional en tiempos de la Conquista (de la Fuente et al., 2018).

A partir de los análisis de mestizaje realizados en su investigación, Nakatsuka et al. (2020) identificaron predominancia de mezcla génica entre grupos vecinos de la Isla, principalmente entre los 2200 y 1200 años AP (Holoceno tardío), con posterior reducción de flujo génico entre los grupos conformados. Sin embargo, es necesario resaltar que algunas de estas inferencias podrían estar sesgadas por el bajo número de individuos que representan a los grupos conformados, principalmente en referencia al individuo Aonikenk, único en su categoría étnica. Tanto este trabajo como el de de la Fuente et al. (2018) determinaron una mayor afinidad genética entre los individuos antiguos asignados como Kawésqar y Yámana con individuos contemporáneos asignados a estas etnias, mostrando una continuidad genética desde al menos ~6600 años AP hasta tiempos actuales.

Por su parte, basados en análisis de la región HVI y HVII de ADNmt, Crespo et al. (2020) no identificaron diferencias entre los individuos recuperados de Península Mitre e Islas de los Estados y aquellos del Canal de Beagle, pero sí entre estos grupos y los individuos asignados como Yámanas según su ubicación geográfica. Esto contrasta, en parte, con lo observado por Nakatsuka et al. (2020) pero adhiere a estos y otros autores sobre las particularidades genéticas de Yámanas, producto de su aislamiento geográfico y particularidades lingüísticas, que habrían aislado aún más a estas poblaciones.

Siguiendo con las investigaciones en Patagonia insular y la Región de Magallanes, Balentine et al. (2022) reportaron una mayor diversidad haplotípica mitocondrial en grupos especializados en el medio marino que en aquellos asignados como terrestres utilizando una definición basada en datos geográficos y de dieta para ambos grupos. Además, de forma generalizada, observaron una baja variabilidad genética y pocos haplogrupos en ambas poblaciones. En su estudio, también identificaron diferencias entre estos dos grupos, lo que llevó a los autores a sugerir que los mismos podrían ser el resultado de linajes ancestrales distintos que habrían migrado de manera independiente hacia la sub-región. Cabe destacar que estas observaciones contrastan con las de Nakatsuka et al. (2020), quienes hipotetizan

que los grupos marinos descienden de grupos terrestres, algo similar a lo observado por de la Fuente et al. (2018). En su trabajo, Balentine et al. (2022) señalaron esta diferencia y argumentaron que la aparente diferenciación entre grupos marinos y terrestres observada en su estudio, y no en otros trabajos realizados por colegas (Crespo et al., 2018; de la Fuente et al., 2018; Lalueza-Fox et al., 1997; Nakatsuka et al., 2020), podría deberse a diferencias en los criterios de agrupamiento, a diferencias por el tipo de datos analizado (mientras que Nakatsuka et al. y de la Fuente et al. analizan datos autosómicos, su trabajo se basa en el análisis de las regiones HVI y HVII del ADNmt), y/o a diferencias en el muestreo.

El estudio de Motti et al. (2020), es otro de los trabajos que aborda el análisis de los antiguos habitantes de la Isla con preguntas locales. En este caso, los autores lograron obtener resultados de la Región Control del ADNmt en 26 individuos recuperados del cementerio de la Misión Salesiana “Nuestra Señora de La Candelaria” datado del 1897 y ubicado en las cercanías de la actual ciudad de Río Grande. En este trabajo, los autores observaron una alta predominancia de linajes C1b (38,5%) y D1g5 (34,6%) en concordancia con los trabajos reportados con anterioridad para el área, seguidos en incidencia el linaje D4h3 (11,5%) y C1c (7,7%). También observaron dos linajes maternos autóctonos europeos (H1c y T2b3 +151) consistente con la historia fundacional del lugar (Motti et al., 2020). Entre sus hallazgos, se destaca la presencia de un individuo perteneciente al sub-haplogrupo C1b13. Este sub-haplogrupo ha sido identificado recientemente en dos individuos antiguos de la costa norte de la provincia de Santa Cruz (fechados en ~2400 y ~1820 años AP) por Arencibia et al. (2022) y en un individuo del sitio Seno Canalad en los Archipiélagos de Chonos (sin datar) por Moraga et al. (2022). Hasta la publicación de estos trabajos, el linaje C1b13 sólo había sido reportado previamente en poblaciones contemporáneas del sur de Chile y Argentina. Estos resultados confirman la presencia del sub-haplogrupo en Patagonia central y en Patagonia sur desde hace al menos 2400 años AP (Arencibia et al., 2022), así como en la Patagonia insular desde tiempos históricos (Motti et al., 2020).

En lo que respecta a la sub-región de **Patagonia sur** que en este trabajo está delimitada por los límites actuales de la provincia de Santa Cruz (Figura 1), los estudios realizados hasta el momento son limitados. Uno de ellos, destacable por su nivel de resolución, es el ya mencionado estudio de Arencibia et al. (2022), en el cual los autores analizaron mitogenomas de 11 individuos, la mayoría de los cuales fueron fechados entre 2400 y 1100 años AP y asignados a los sub-haplogrupos D1g (54,5%), C1b13 (18,2%) y C1c (27,3%). Asimismo, esta misma investigadora realizó un estudio sobre 16 individuos ancestrales del sitio Lago Salitroso, ubicado en el noroeste de la misma provincia, cuyo análisis de HVI permitió identificar los linajes maternos: D1g (43,7%), B2 (31,3%), C1 (18,8%) y D4h3a (6,2%). Entre

sus principales resultados se destaca la presencia del haplogrupo B2, el cual, como ya fue mencionado, ha sido reportado en diferentes áreas de Patagonia (Balentine et al., 2022; Franco et al., 2017; Moraga et al., 2016; Moreno Mayar et al., 2018; Reyes et al., 2012). La antigüedad en la región patagónica de este haplogrupo y la latitud en la cual ha sido encontrado, sugiere que su baja representación en individuos ancestrales y contemporáneos podría deberse a un sesgo muestral o bien a una pérdida en tiempos más recientes, pero no a una pérdida por efecto de la deriva génica en el proceso de poblamiento inicial de la región (Arencibia et al., 2019). A diferencia de otros estudios realizados en Patagonia, Arcencibia et al. (2019) reportaron una variabilidad genética relativamente alta para la población del sitio Lago Salitroso, lo que se condice, según los autores, con una pérdida de la diversidad hacia el extremo sur con una disminución marcada para Patagonia insular (Arencibia et al., 2019).

Otros individuos de esta sub-región fueron analizados en diferentes estudios, entre los que se destaca el de Motti et al. (2019). En este trabajo los autores identificaron secuencias parciales de las regiones HVI y HVII asignables a los sub-haplogrupo D1g y D1g5 con polimorfismos derivados compartidos con individuos de Tierra del Fuego en tres individuos del sur de Santa Cruz (Frailes, Punta Entrada 4 y Cerro Observación) (Motti et al., 2019).

En cuanto a la sub-región **Patagonia norte argentina**, delimitada por las actuales provincias de Río Negro y Neuquén (Figura 1) sólo se cuenta con el estudio llevado a cabo por Crespo, Russo et al. (2017) y la muestra de un individuo publicada por Parolin, Galimany et al. (2019). En el primero de estos estudios se analizaron muestras de individuos antiguos localizados tanto en la vertiente andina (N=6) como en la costa del Golfo San Matías (N=12), así como en muestras de Santa Cruz y del Canal de Beagle (Crespo, Russo, et al., 2017). En su trabajo, los autores informaron la presencia de los haplogrupos A2, D1j, D1, D1g y D4h3a, y la ausencia de diferencias genéticas significativas entre las áreas geográficas norpatagónicas comparadas. Los resultados de este estudio plantean, según los autores, un nuevo escenario para la dispersión del ser humano por América del Sur y para el origen del haplogrupo D1j. En concreto, para estos investigadores, la presencia de este haplogrupo en la costa atlántica desde hace unos 3144 ± 52 años AP indicaría un origen siguiendo una ruta interior o costera atlántica hasta la región patagónica, en lugar de una ruta Pacífica (Crespo, Russo, et al., 2017).

En un trabajo que amplía los análisis iniciados por Crespo, Russo et al. (2017) incorporando individuos del extremo sur del continente, Crespo et al. (2018) observaron un decrecimiento de la variabilidad genética mitocondrial hacia el sur de la región patagónica y diferencias genéticas significativas entre grupos de Patagonia norte, sur e insular, así como la presencia de haplotipos en Patagonia norte que indicarían la existencia de flujo génico desde el centro

de Argentina y desde el lado occidental de los Andes, algo que se condice con las observaciones de los análisis de datos autosómicos de Nakatsuka et al. (2020) y de la Fuente et al. (2018). Por su parte, Parolin, Galimany et al. (2019) reportan para la costa norte de Río Negro, la presencia de un individuo datado en 690 ± 60 años AP cuyo linaje mitocondrial fue asignado a D4h3a, altamente frecuente en Patagonia central occidental (Moraga et al., 2022).

En lo que respecta a la aquí delimitada **Patagonia central** (Figura 1), cabe mencionar el trabajo de Moraga et al. (2022) en el que analizan la Región Control de 41 individuos antiguos recuperados de los Archipiélagos de Chonos del actual territorio chileno. En su estudio, los autores identifican una predominancia de los linajes C1b (38,7%) y D4h3a5 (35,5%) y la presencia de los linajes derivados D1g (6,5%) y C1b13 (3,2%). La presencia de D1g y C1b13 en los Archipiélagos podría deberse, o bien a una migración y contacto tardío con poblaciones Huilliches o a una migración más temprana de norte a sur desde el centro de Chile; movimiento que, según los autores, podría asociarse al tiempo estimado en ~ 4700 y 2000 años AP por Nakatsuka et al. (2020). Por su parte, el sub-haplogrupo D4h3a5, el cual parecería estar restringido al sur de Argentina y Chile, fue reportado en 11 individuos con reversión en la posición 16301 en contraposición a la típica transición que caracteriza a los individuos antiguos de la vertiente atlántica. Esta particularidad parecería diferenciar a los grupos cazadores-recolectores marinos de los terrestres (Moraga et al., 2022). Mediante el análisis de mitogenoma, los autores lograron definir un nuevo sub-haplogrupo caracterizado por el polimorfismo 4948 y nombrado como D4h3a5a1. Estos investigadores hipotetizan que este linaje derivado podría estar restringido a las poblaciones cazadoras-recolectoras marítimas de la zona analizada (Moraga et al., 2022).

Continuando con los estudios realizados en Patagonia central, cabe mencionar los dos (2) individuos localizados en sitios arqueológicos del Golfo Nuevo en la provincia del Chubut y asignados a los sub-haplogrupos C1c y D1g5 por Parolin, Galimany et al. (2019). Hasta el momento, estos dos individuos en conjunto con los analizados por Moraga et al. (2022) en los Archipiélagos de Los Chonos, el individuo recuperado del sitio Punta León, ubicado en las cercanías de la ciudad de Rawson (Lalueza-Fox et al., 1997), y los seis (6) individuos analizados en el sitio Baño Nuevo 1 localizado en Patagonia central (Región Aisén, Chile) (Reyes et al., 2012), son los únicos casos de análisis genéticos realizados en individuos ancestrales de Patagonia central. La ausencia de estudios de ADN en esta región, principalmente en vertiente atlántica, evidencia un vacío significativo en la investigación de poblaciones ancestrales, lo que convierte a esta en un área de vacancia para la disciplina.

2.6 Consideraciones sobre los antecedentes genéticos e introducción a los objetivos

A lo largo del apartado anterior se han presentado los estudios genéticos realizados sobre restos arqueológicos humanos de individuos ancestrales de Patagonia. Como se deja ver, los estudios genéticos han demostrado tanto concordancias como disidencias en sus resultados e inferencias. Asimismo, las investigaciones llevadas a cabo se han concentrado en el extremo sur del subcontinente, principalmente, en Tierra del Fuego y la Región de Magallanes y de la Antártica Chilena. En términos tecnológicos y metodológicos, se ha observado una evolución en los métodos empleados en estos estudios, con una mejora que ha permitido una mayor capacidad analítica e inferencial en la investigación de poblaciones ancestrales, pasando de los estudios genéticos iniciales basados en técnicas de RFLP y de secuenciación de ciertas regiones hipervariables del ADNmt, a estudios genómicos de ADNmt y de ADN autosómico. En este aspecto, y con la salvedad de algunos trabajos que han incorporado análisis de ADN autosómico (de la Fuente et al., 2018; Moreno Mayar et al., 2018; Nakatsuka et al., 2020; Raghavan et al., 2015), la gran mayoría de los estudios presentados se han basado en análisis de ADNmt. Esto se debe a características específicas del ADNmt que serán discutidas en el marco teórico, las cuales convierten a este ADN, en una molécula clave en los análisis de ADN.

Los antecedentes presentados a lo largo de este capítulo destacan dos puntos fundamentales: en primer lugar, existe una falta significativa de estudios genéticos de poblaciones ancestrales de la Patagonia central, cuya representación se limita al análisis de unos pocos individuos. Esta carencia de datos contrasta con la gran cantidad de datos arqueológicos generados en la sub-región y con la importancia que esta zona tendría en la historia temprana del poblamiento de la región, en términos de su papel como corredor de intercambio entre el norte y el sur de la Patagonia. En segundo lugar, las diferencias observadas en las frecuencias de linajes mitocondriales y la sub-estructuración poblacional en las distintas sub-regiones de Patagonia, junto con las disidencias observadas entre los estudios que abordan una misma área geográfica o áreas adyacentes, muestran la necesidad de abordar estudios locales con enfoques más integrativos que combinen los datos genéticos con datos bioantropológicos y arqueológicos. Este tipo de enfoque, local y contextualizado, permitirá una comprensión más completa y precisa de la compleja red de relaciones entre las poblaciones ancestrales del extremo sur de Sudamérica, lo que redundará en evidencia más sólida respecto de las rutas migratorias que dieron origen al poblamiento del subcontinente.

Con el objetivo de comprender la diversidad y las posibles afinidades genéticas de las poblaciones ancestrales que habitaron el Nordeste de la actual provincia del Chubut, en la presente tesis doctoral se analizará una muestra poblacional de restos arqueológicos

humanos pertenecientes a antiguos cazadores-recolectores. Dichos restos se encuentran, actualmente, resguardados en el Repositorio Bioarqueológico del IDEAus-CONICET (Millán & Dahinten, 2019). El impacto de la presente tesis se reflejará, principalmente, en la producción de información genómica de amplia profundidad temporal en un área geográfica de vacancia para la disciplina. Los objetivos e hipótesis de la presente tesis doctoral se presentan en el siguiente capítulo.

CAPÍTULO 3: OBJETIVOS E HIPÓTESIS

A partir de los antecedentes y los vacíos de información detallados en el capítulo anterior, en esta tesis doctoral se plantea como objetivo general caracterizar la diversidad genética de los linajes maternos mitocondriales de las poblaciones humanas que habitaron la actual provincia del Chubut (Patagonia central argentina) durante el Holoceno.

Asimismo, para la evaluación de las posibles variaciones en el acervo génico a escala temporal y espacial se plantean los siguientes objetivos particulares e hipótesis asociadas:

Objetivo particular 1: Determinar los haplogrupos a partir de mitogenomas completos y la diversidad genética de los linajes maternos en la totalidad de la muestra poblacional bajo estudio.

Hipótesis asociada al objetivo particular 1: Puesto que la Patagonia fue la última región en ser poblada en la dispersión del *Homo sapiens* por el continente americano, y considerando la información de ADN_a obtenida por diferentes investigadores en la región, se hipotetiza que las poblaciones estudiadas presentan una baja diversidad de haplogrupos maternos y, en particular, baja frecuencia del haplogrupo B2 y ausencia de A2.

Objetivo particular 2: Evaluar relaciones de afinidad genética con otras poblaciones indígenas ancestrales de la región patagónica y de otras regiones de Argentina y Chile.

Hipótesis asociada al objetivo particular 2: En base a la evidencia bioarqueológica de patrones de dispersión, movilidad y registro de bienes alóctonos, se hipotetiza afinidad genética con grupos indígenas de Patagonia y con otros grupos alóctonos.

Objetivo particular 3: Evaluar diferencias genéticas en términos de variantes alélicas y frecuencias de haplogrupos dentro del área de estudio entre las microrregiones Península Valdés (PV) y valle inferior del río Chubut (VIRCH).

Hipótesis asociada al objetivo particular 3: En base a las evidencias bioarqueológicas presentada en el capítulo 2, se hipotetiza que las frecuencias de sub-haplogrupos entre las microrregiones (PV y VIRCH) son diferentes.

Objetivo particular 4: Evaluar la variabilidad genética y la continuidad y/o reemplazo de los linajes maternos a través del tiempo.

Hipótesis asociada al objetivo particular 4: Debido a la amplia temporalidad de las muestras arqueológicas recolectadas para el presente proyecto doctoral (6080-200 años AP) se

hipotetiza que los haplogrupos maternos presentan fluctuaciones en su frecuencia y continuidad en el tiempo y espacio de ciertos linajes y reemplazo de otros.

CAPÍTULO 4: MARCO TEÓRICO

En este capítulo se propone un marco de referencia que contribuirá a una interpretación adecuada del desarrollo y de los resultados de esta tesis doctoral. Es por esto que, se presentan definiciones y conceptos teóricos que se mencionarán a lo largo del desarrollo de este trabajo. Además, en este capítulo se discuten algunas consideraciones que, si bien se debaten actualmente en el ámbito académico, es importante considerarlas.

4.1 Genética y genómica de poblaciones: revisión conceptual sobre las unidades de análisis

Raza y población: ¿dos paradigmas, un mismo concepto?

Surgido en un contexto político-social-económico que buscaba avalar el tráfico de esclavos africanos, el concepto de raza fue utilizado para deshumanizar y relegar a ciertos grupos poblacionales a un estado biológicamente inferior, en pos de no entrar en conflicto con las ideologías y la fe cristianas (Pena et al., 2012; Race Ethnicity and Genetics Working Group, 2005). De esta forma, el concepto se fue infiltrando en la sociedad, hasta el punto de que, aún hoy, resulta difícil erradicar del término. Las interpretaciones científicas erróneas que “avalaban” las diferencias biológicas entre los grupos raciales, fueron suficientes para justificar y perpetuar la discriminación, dando lugar a los más atroces hitos históricos de la humanidad como el tráfico de esclavos y los genocidios llevados a cabo durante el holocausto nazi (Race Ethnicity and Genetics Working Group, 2005), entre otras perversiones. Al finalizar la Segunda Guerra Mundial, la división de la humanidad en razas comenzó a ser cuestionada y llevó a la Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura (UNESCO) a promulgar en 1950 una declaración sobre los prejuicios raciales (UNESCO, 1950).

Durante la década del '60, la consolidación del evolucionismo neodarwiniano en los estudios de grupos humanos trajo avances significativos en la disciplina antropológica. Uno de los hechos más trascendentales fue el reemplazo del concepto de “raza” por el de “población,” entendiendo a este último como la unidad fundamental de análisis en el estudio de la diversidad humana (Carnese & Pucciarelli, 2007; Pucciarelli, 1989). El cambio en la concepción del objeto de estudio y la incorporación de métodos estadísticos como aproximación al análisis de procesos microevolutivos y de adaptación, produjeron un desplazamiento de la clásica Antropología Física a la nueva Antropología Biológica, una disciplina que, según Crognier (1989 citado en Carnese et al., 1991), se encuentra en la intersección de las Ciencias Biológicas y las Ciencias Sociales.

Con el advenimiento de técnicas moleculares más avanzadas, el concepto de raza fue definitivamente desestimado al demostrarse experimentalmente en 1972 que la variación genética total observada dentro de esos grupos “raciales” subjetivamente definidos, era mayor que la variación genética observada entre ellos (Lewontin, 1972). La unidad de análisis, entonces, en el campo de la antropología biológica, cambió de ser una concepción fijista de “razas” a “grupos poblacionales” internamente heterogéneos y diferenciados entre ellos por la frecuencia de ciertas variantes genéticas; por lo que también se admitía el carácter parcialmente solapante en su definición (Pena et al., 2012). Sin embargo, algunos críticos han argumentado que las “poblaciones” como unidades de análisis tienden a replicar las categorías raciales instauradas por Linneo en 1767 lo que conllevaría a difundir viejas creencias raciales (Pena et al., 2012). El carácter aún subyacente de las concepciones racistas en la “nueva” unidad de análisis tiene su explicación en que la definición de una población, al ser artificial, esta teñida y depende, en parte, de los preconceptos que aún existen (UCTV, 2008).⁶

Igualitarismo genético

Surgido en oposición y para contrarrestar las injusticias y atrocidades históricas que se llevaron a cabo en nombre de la ciencia en general y de la genética en particular, surge la postura moral del *igualitarismo biológico*. Dicha postura se centra en la premisa de que no existen diferencias biológicas significativas de base genética entre los grupos humanos creados artificialmente (a excepción de algunos rasgos superficiales) por lo que se justifica, desde la estadística, la igualdad entre todos los individuos de la especie humana (Lewontin et al., 1984 citado en Lahn & Ebenstein, 2009). Sin embargo, Lahn & Ebenstein (2009) argumentan que esta postura, además de ilógica, podría llegar a ser peligrosa ya que implica que si son encontradas diferencias significativas entre los grupos, esto podría justificar la discriminación y la reemergencia del concepto de raza. Un ejemplo de esto, que podría ser utilizado contra la postura del igualitarismo biológico, es el color de la piel; rasgo que ha demostrado no ser trivial en cuanto a las diferencias observadas entre los grupos poblacionales con relación a las diferencias dentro de cada grupo (Lewontin et al., 1984 citado en Lahn & Ebenstein, 2009). Este rasgo, aunque podría considerarse una diferencia biológica “no sustancial” o “superficial,” ha sido y continúa siendo en muchas sociedades, uno de los principales factores de discriminación.

⁶ Extraído de conferencia “El concepto de raza con Richard Lewontin” de la University of California Television, UCTV (2008)

Paradigma genómico-individual

El *igualitarismo biológico* pierde fuerza argumentativa a la luz de los recientes datos empíricos obtenidos a partir de tecnología genómica de vanguardia (Lahn & Ebenstein, 2009), los que demuestran la existencia de variaciones genéticas entre grupos poblacionales y la existencia, incluso, de subestructuración poblacional. Desde un enfoque totalmente opuesto, aunque con el mismo objetivo que el del *igualitarismo biológico* (el de abolir el concepto de *raza* y su persistencia subyacente en el concepto moderno de *población*), surge en el siglo XXI el **paradigma genómico-individual** propuesto por Pena et al. (2012). Esta nueva propuesta plantea abandonar los dos modelos previos y adoptar una nueva división de la especie humana en tantos grupos artificiales como individuos de nuestra especie haya. Es decir, ve a la especie humana dividida no en razas ni poblaciones, sino en *siete billones de individuos* genómicamente distintos entre sí y con distintos grados de parentesco en sus linajes genealógicos. Este nuevo paradigma destaca el carácter único y diferente de cada individuo, en vez de enfatizar la semejanza con otros individuos y grupos poblacionales. Este modelo, es respaldado por los resultados obtenidos a la luz de los avances genómicos de los últimos veinte años y es, según sus autores, el único biológicamente coherente y sólido científicamente que explica la diversidad humana en su totalidad (Pena et al., 2012).

En su trabajo, Lahn & Ebenstein (2009) argumentan en contra de la idea de “olvidar la diversidad de grupo y concentrarse en las diferencias individuales” para evitar el mal uso de esta información y sostienen que “ignorar la diversidad de grupo es hacer ciencia pobre.”⁷ Según estos autores, entender la diversidad genética entre grupos tiene beneficios tanto para la investigación como fortalezas en la adaptación humana y no debería ser un instrumento de discriminación. Basados en estas dos herramientas argumentativas (la del beneficio y la de la fortaleza), los autores sostienen que se debería tomar una actitud positiva ante las diferencias existentes entre los grupos humanos. En palabra de los autores “*we should embrace human diversity,*” es decir: debemos abrazar la diversidad humana.

Unidad de análisis: reflexiones enmarcadas en la presente tesis doctoral

Con el advenimiento de la genética y, posteriormente, de la genómica de poblaciones humanas,⁸ enmarcadas en la corriente evolucionista y en la diversificación casi obligatoria de la Antropología Biológica debido a las ramas del conocimiento emergentes, se han ampliado los enfoques mediante los cuales es posible abordar una misma problemática.

⁷ Frase original tomada de Lahn & Ebenstein (2009): “Thus, to ignore group diversity is to do poor science.”

⁸ La era genómica se refiere al período de tiempo desde la finalización del Proyecto Genoma Humano en 2003, hasta la actualidad

Como se mencionó en la sección “Raza y población: ¿dos paradigmas, un mismo concepto?” el concepto de *raza* no provee una representación precisa de la variación genética humana observada y es un concepto que emerge en y a favor de las posturas coloniales de opresión y discriminación (Rebbeck et al., 2022). Por otro lado, mientras el concepto biológico de población replica “viejos” preceptos raciales, el nuevo paradigma *genómico-individual*, aunque ideal conceptualmente, presenta limitaciones como herramienta operativa en la práctica bioantropológica. La utilización de unidades discretas de análisis es (hasta el momento) una práctica común y necesaria en las investigaciones bioantropológicas y genéticas a la hora de contrastar hipótesis. Sin embargo, es necesaria una nueva forma de abordar estos estudios sin replicar las bases sustanciales de las ideas raciales. Con relación a ello, algunos autores han sugerido mayor precisión y claridad a la hora de definir términos y grupos poblacionales utilizados en la disciplina, para evitar malas interpretaciones (Rebbeck et al., 2022). A su vez, una aproximación interdisciplinaria a la problemática es necesaria para evitar perpetuar prácticas sistémicas y continuadas que replican ideas raciales y contribuyen a la discriminación de ciertos grupos poblacionales. Aunque aún en desarrollo, la perspectiva genómico-individual podría, eventualmente, encontrar una forma práctica de instrumentarse. Hasta entonces y en síntesis, el presente trabajo se enmarca dentro de la Bioantropología, cuyo objetivo fundamental es “conocer los procesos de diferenciación entre las poblaciones humanas como resultado de la interacción entre su variabilidad y el medio ambiente” (Pucciarelli, 1989). Entonces, se emplea aquí el concepto de población sin dejar de tener cautela y consideración sobre los nociones mencionadas con anterioridad.

4.2 Genética y genómica de poblaciones: conceptos y teorías

El concepto de población

Una de las definiciones clásicas de **población** es la de Theodosius Dobzhansky quien emplea un enfoque mendeliano considerándola como una comunidad de individuos de reproducción sexual y fertilización, entre los que se produce cruzamientos regularmente, teniendo, en consecuencia, un *pool* génico común (Dobzhansky, 1955). Se han propuesto varias modificaciones a esta definición incluyendo en esta el factor tiempo y espacio así como el concepto de “probabilidad” en el proceso de entrecruzamiento. En este sentido, Hartl & Clark (1998, p. 71) hacen alusión a la “población” como un conjunto de individuos de la misma especie que comparten un acervo génico común y que habitan un espacio geográfico lo suficientemente restringido de modo que sus miembros presentan una mayor probabilidad de entrecruzamiento, respecto de individuos de otras áreas geográficas. A su vez, en una población, no todos los individuos tienen la misma probabilidad de reproducirse. Los individuos más cercanos geográficamente tienen más probabilidad de reproducirse entre sí

que con los individuos distantes, generando colonias con algún grado de aislamiento y con intrarreproducción (Gilmour & Gregor, 1939). Bajo este postulado, Gilmour & Gregor (1939) formalizaron el concepto de “gamodemes”, más comúnmente conocido en la literatura como “sub-poblaciones” o “poblaciones locales” que tienen la característica de ser unidades panmícticas. Las sub-poblaciones pueden o no ser genéticamente distintas, aunque dado el tiempo suficiente y un ambiente determinado, estos pueden presentar frecuencias génicas y/o variantes genéticas distintivas (Futuyma, 2005, p. 229). Estas variaciones son consecuencia de procesos microevolutivos (mutación, selección natural, deriva genética y flujo génico), que modifican las frecuencias alélicas de las sub-poblaciones y por consiguiente, las modelan y diferencian.

Las variables *distancia geográfica* y *tiempo*, ambas a ser exploradas en esta tesis doctoral, son determinantes de esa diferenciación genética. Los modelos de aislamiento por distancia geográfica han sido ampliamente utilizados en estudios bioantropológicos para predecir distancias genéticas. Se ha visto que, a mayor distancia geográfica mayor es la diferenciación genética entre dos poblaciones, con desviaciones atribuibles a procesos de mestizaje y aislamiento poblacional (Ramachandran et al., 2005). La segunda variable es la escala temporal. La heredabilidad de los cambios genéticos y por consiguiente su perpetuidad, está condicionada por las frecuencias alélicas presentes en la población que, con el tiempo, pueden sufrir procesos de fijación o de extinción.

La teoría neutral de la evolución molecular y la deriva génica

La **teoría neutral de la evolución molecular**, propuesta por Kimura en 1983, postula que la mayoría de los polimorfismos observados a nivel molecular en una población son de carácter neutral ante el efecto de la selección natural y son fijados por efecto de la deriva génica. Esto ocurre con la mayoría de las variaciones observadas a nivel molecular entre y dentro de las poblaciones (Futuyma, 2005, p. 236). En este punto, cobra importancia el concepto de **deriva génica**, introducida por Sewall Wright en 1930 y definida como una fluctuación al azar de las frecuencias alélicas o haplotípicas en una población (Futuyma, 2005, p. 226). Esta, junto a las mutaciones y a la selección natural, constituyen los mecanismos evolutivos más importantes de una población. A diferencia de la selección natural, los procesos de deriva génica y los procesos mutacionales son aleatorios, originando polimorfismos que pueden o no ser adaptativos, otorgando variabilidad genética y diferenciando a las poblaciones (Futuyma, 2005, p. 226). Dado el tiempo necesario, medido en número de generaciones, y dependiendo de la frecuencia inicial de cada variante génica en una población de un número de individuos determinado, las variantes alélicas o haplotípicas pueden fijarse o extinguirse de forma aleatoria (Futuyma, 2005, p. 129). Estas fluctuaciones al azar de las frecuencias alélicas o

haplotípicas puede resultar en el reemplazo de variables viejas por nuevas, lo que constituye uno de los puntos a explorar en esta tesis doctoral.

Entre los procedimientos generales para evaluar la variación genética se encuentra el método basado en **genealogías de haplotipos**, que utiliza información de las mutaciones de cada individuo (Cavalli-Sforza, 2005). Si se representa la historia de un gen o de sus variantes alélicas en un árbol genealógico, se observa que todas las variantes del gen descienden de una copia del gen ancestral. La teoría que explica el mecanismo por el cual podemos rastrear un ancestro común, se llama **teoría de la coalescencia** (Futuyma, 2005, p. 227) y es la base de las interpretaciones de los tiempos de coalescencia que serán abordados en esta tesis (véase el capítulo 6).

Retomando el concepto de sub-poblaciones en el contexto de las teorías presentadas con anterioridad, podemos decir, entonces, que es probable que mientras por deriva génica la frecuencia de ciertos alelos o haplotipos puede estar incrementándose en una sub-población, estos podrían estar decreciendo su frecuencia en otro, dando como resultado una diferencia genéticas entre las sub-poblaciones (Futuyma, 2005, p. 229).

El concepto de diversidad genética

La combinación de las diferentes variantes genéticas en una misma población o sub-población resulta en la *diversidad genética* del grupo poblacional en un ambiente determinado. Esto hace que una población sea dinámica como tal, lo que permite realizar estudios de afinidad o diferenciación genética a nivel geográfico y temporal entre y dentro de las poblaciones. En el contexto del análisis de semejanzas y diferencias genéticas, la capacidad de migrar es fundamental. En el marco de esta tesis, se entiende por migración al movimiento de individuos entre sub-poblaciones o poblaciones (Hartl & Clark, 1998, p. 189). La migración de individuos reproductivos entre poblaciones modifica las frecuencias alélicas o haplotípicas, tanto de la población receptora como de la emisora, por flujo de las variantes genéticas. El proceso homogeneizante de la migración tiene implicancias evolutivas que dependen, entre otros factores, del tamaño relativo de cada población involucrada en el proceso migratorio.

El presente trabajo de tesis, se enmarca en un paradigma evolutivo interpretado desde una perspectiva de afinidades o diferencias entre frecuencias de variables alélicas y haplotípicas mitocondriales entre sub-poblaciones. Estas afinidades y/o diferencias genéticas serán analizadas teniendo en cuenta tanto la variable geográfica como la temporal y tomando como punto de partida de análisis las observaciones e interpretaciones generadas desde disciplinas complementarias a la presente tesis.

4.3 Aproximaciones a los estudios antropológicos desde la genética de poblaciones: ¿por qué el ADN?

Marcadores moleculares: reseña histórica

Los marcadores moleculares basados en ADN, no fueron los primeros utilizados en los estudios bioantropológicos. Según Bravi (2005), podemos caracterizar la evolución del estudio de los marcadores en cuatro etapas. La primera de estas inicia con el estudio de polimorfismos basados en técnicas inmunológicas surgidas gracias al descubrimiento del sistema sanguíneo ABO por Karl Landsteiner en el año 1900 (Goodwin et al., 2007, p. 2). El advenimiento de estas técnicas, basadas en la reacción antígeno-anticuerpo, permitió incluir otros marcadores de grupos sanguíneos como Rh y Duffy, aumentando el poder discriminatorio del método. Sin embargo, dadas las limitaciones que estos métodos aún presentaban, fueron requeridas técnicas complementarias. Esto dio origen a la segunda de las cuatro etapas mencionadas por Bravi (2005), en la cual el desarrollo de la electroforesis, técnica introducida en poblaciones naturales de *Drosophila pseudoobscura* por Hubby & Lewontin en (1966), permitió separar proteínas por su carga eléctrica y por su peso molecular, detectando, de esta forma, nuevos marcadores moleculares.

A pesar de estos avances, las técnicas empleadas aún presentaban limitaciones, sobre todo en el campo de la ciencia forense, cuando se trataba de muestras degradadas o con poca cantidad de material genético. El descubrimiento de los ácidos nucleicos como material genético hereditario y el desarrollo creciente de la biología molecular en las décadas del '60 y '70, permitió subsanar las limitaciones de las técnicas anteriores. El análisis directo de la molécula de ADN mediante enzimas de restricción, secuenciación por Sanger y por la técnica Southern blotting, permitió detectar polimorfismos directamente en la molécula hereditaria (Goodwin et al., 2007, p. 2). Por otro lado, la técnica conocida como *reacción en cadena de la polimerasa*, o PCR (por sus siglas en inglés *polimerasa chain reaction*), desarrollada por el químico Kary Mullis a mediados de los años 80, permitió sintetizar *in vitro* millones de copias de una secuencia particular de ADN, posibilitando el análisis de material genético en bajas concentraciones.

El análisis de los marcadores de ADN ofrece numerosas ventajas por sobre el análisis de antígenos o proteínas. De las más importantes son, sin duda, la capacidad de revelar niveles de variación más específicos y la detección directa de mutaciones. Asimismo, el carácter individualizante del material genético autosómico y la capacidad de analizar haplotipos en el caso de marcadores uniparentales como el ADNmt o la región no recombinante del

cromosoma Y, permite su amplia aplicación en estudios genético-antropológicos, biomédicos y forenses.

Marcadores moleculares de ADN

A nivel de ADN, los marcadores moleculares polimórficos⁹ pueden ser clasificados de acuerdo al tipo de herencia a la cual estén sometidos. Los marcadores de herencia biparental son aquellos ubicados en los cromosoma autosómicos, presentando, por lo tanto, una herencia biparental mendeliana con información tanto del linaje materno como del paterno. Entre estos se destacan los marcadores microsátélites o las repeticiones cortas en tándem, conocidos comúnmente como **STR** (por su sigla en inglés de *short tandem repeats*), y los polimorfismo de nucleótido simple que constituyen mutaciones de una base o **SNP** (por su siglas en inglés de *single nucleotide polymorphism*), ambos de gran aplicación en genética antropológica y forense. Dado el carácter recombinante de los marcadores biparentales, es difícil rastrear un linaje en particular (Cann et al., 1987). En este sentido, cobran importancia los **marcadores de herencia uniparental** o también conocidos como **marcadores de linajes**, los cuales se heredan sin recombinación de padres a hijos varones, en el caso de la región no recombinante del cromosoma Y, y de madres a hijos varones y mujeres en el caso del ADNmt. La presente tesis se enfocará en el estudio del ADNmt de individuos recuperados de contextos arqueológicos de la Patagonia central.

4.4 ADN mitocondrial: caracterización y uso como marcador de herencia uniparental

Las mitocondrias son organelas citoplasmáticas que se encuentran presentes, a excepción de los glóbulos rojos maduros, en todas las células del cuerpo humano, en un número variable de acuerdo con el requerimiento energético del tipo celular. Las mitocondrias se caracterizan por presentar moléculas de ADN propio (ADNmt) en un número variable por orgánulo y por tipo celular (en promedio 750 mitocondrias por célula). Su principal función dentro de la célula es la de actuar como centro del proceso de fosforilación oxidativa, codificando para esto, trece componentes esenciales de la cadena respiratoria. Este proceso da como resultado, aproximadamente, el 90% de la energía requerida por cada célula para llevar a cabo procesos vitales (Chinnery, 2006) La molécula de ADNmt fue secuenciada por primera vez en la Universidad de Cambridge en 1981 (Anderson et al., 1981). Su versión corregida por Andrews y colaboradores (1999), recibe el nombre de “secuencia de referencia de Cambridge (rCRS)”

⁹ El término **polimorfismo**, descrito por primera vez en 1940 por Ford, se define a nivel del ADN como la coexistencia de dos o más formas alélicas de un mismo gen en una población en donde las variantes se encuentran en frecuencias mayores o iguales al 1%, de forma tal que no puedan mantenerse por simple mutación en la población (Ford, 1945). Para que un marcador polimórfico sea utilizable en estudios antropogenéticos, debe tener una ubicación física identificable en un cromosoma (locus) y su herencia debe ser rastreadable.

o “secuencia de Anderson” y es utilizada como base de referencia para identificar puntos mutacionales en humanos. Dicha secuencia proviene de una mujer de ascendencia europea, cuyo haplotipo se clasifica dentro del haplogrupo H2a2a1, de amplia frecuencia y distribución en Europa.

La molécula de ADNmt humano consta de 16.569 pares de bases organizados en una doble cadena circular. La mayor parte de su genoma es codificante (15.447 pares de nucleótidos), a excepción del origen de replicación de la cadena liviana y las regiones nucleotídicas conocidas comúnmente como “Región Control” o “D-Loop” y Región “V” ampliamente utilizadas en estudios bioantropológicos (Figura 4). Las características que hacen de esta molécula una herramienta importante en los estudios bioantropológicos, son su alto número de copias por célula, la ausencia de recombinación, su alta tasa de mutación en relación con el ADN nuclear y, fundamentalmente, su tipo de herencia (Pakendorf & Stoneking, 2005).

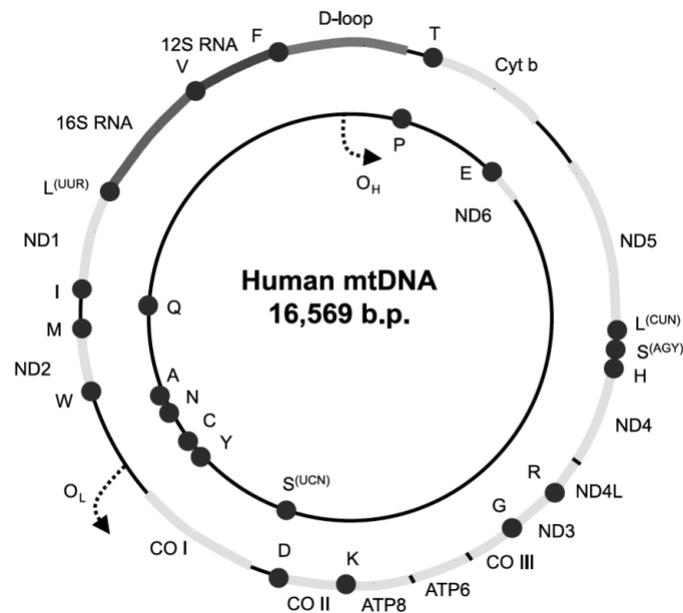


Figura 4: Genoma mitocondrial humano: Estructura del ADN mitocondrial (ADNmt) caracterizada por su forma de doble hebra circular. En la imagen se señala el origen de replicación de la cadena pesada (OL) y el de la cadena liviana (OH). Además, se destacan los genes codificantes y la región D-loop (actualmente conocida como Región Control), que es una región no codificante de la molécula y desempeña un papel en la regulación de la transcripción y replicación del ADNmt. Imagen y descripción tomada de Chinnery (2006, p. 7).

Según estudios experimentales, la tasa de mutación del ADNmt es de cinco (5) a diez (10) veces más rápida que para el genoma nuclear (Brown et al., 1979). Esto podría deberse a varios motivos, entre ellos, una mayor tasa de replicación asociada a un sistema menos eficaz de reparación de daño de ADNmt en comparación al ADN nuclear. Asimismo, dentro de la misma molécula de ADNmt, la tasa de mutación varía según la región analizada. Según los datos tomados de van Oven & Kayser (2009) la tasa de mutación para la región no codificante

(bases 16024-576), es unas diez veces más alta que para la región codificante (bases 577-16023), de esta misma molécula.

La Región Control o D-loop

Con una extensión de 1.122 pares de bases, la Región Control constituye la región no codificante más grande del genoma mitocondrial (aproximadamente 7% del genoma mitocondrial). La misma está involucrada en la regulación y en el inicio a la replicación del ADNmt. El sistema de numeración de las bases de esta región comienza arbitrariamente en medio de esta, extendiéndose en forma continua entre las posiciones 16024-16569 y 1-576 (Figura 5). Estudios de distribución de polimorfismos, han determinado que el 92% de las posiciones variables presentes en la molécula se concentran dentro de esta región, en dos sitios flanqueantes a un dominio central estable filogenéticamente (Bravi, 2005). Dadas sus altas tasas mutacionales, se ha denominado a estos sitios regiones hipervariables (HV) 1 (HVI o HVS-I) y 2 (HVII o HVR-II) (Figura 5). Usualmente, la HVI se encuentra entre las posiciones 16024 y 16400 mientras que la HVII lo hace entre la posición 44 y 340. Una tercera región (la HVIII o HVS-III) se define entre las posiciones 438 y 576 (Chinnery, 2006, p. 7). A fin de homogeneizar la nomenclatura de las regiones HV y su designación a nivel internacional, en la actualidad, se divide a la Región Control en dos fragmentos: región control 5' que abarca el rango de bases desde la posición 15878 hasta la 16569 y la región control 3' entre las posiciones 001 y 599. No se conoce la totalidad de las funciones que cumple la Región Control y se cree que su alto grado de polimorfismo podría ser debido a varios factores; entre ellos, cabe destacar, un mecanismo de reparación menos eficiente en el proceso de replicación del genoma mitocondrial con relación al del genoma nuclear y a la exposición a agentes mutagénicos generados durante la fosforilación oxidativa (Bravi, 2005).

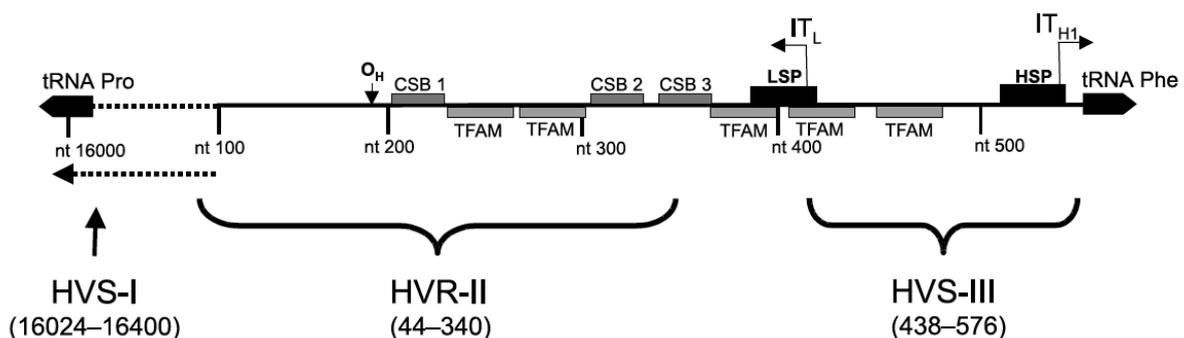


Figura 5: Región control o D-loop del ADN mitocondrial (ADNmt) humano mostrando las tres regiones hipervariables y sus respectivos rangos (HVS-I, HVR-II y HVSIII). Imagen y descripción tomada de Chinnery (2006, p. 7).

Los avances en la secuenciación parcial del ADNmt han permitido el análisis de estos fragmentos hipervariables, los cuales, gracias a sus altas tasas evolutivas y a su alto número

de copias por célula, constituyen una unidad de estudio valiosa. La aplicación del ADNmt en estudios bioantropológicos y forenses cobra importancia en muestras cuyo ADN se encuentra altamente degradado y en baja concentración (restos arqueológicos, muestras de origen forense como cadáveres con una alta descomposición o carbonizados, pelos sin bulbo, etc). También han sido ampliamente utilizados en estudios evolutivos e históricos como la reconstrucción de linajes antiguos, árboles genealógicos y movimientos migratorios poblacionales, así como en análisis de diversidad genética y contactos interétnicos (Bandelt et al., 2006, pp. 149-194). Sin embargo, y a pesar de su amplia utilización, el estudio de las regiones hipervariables del genoma mitocondrial limita las inferencias que de los análisis poblacionales podrían surgir, ya que su poder resolutivo resulta insuficiente para poder conocer la totalidad de la variabilidad de los linajes mitocondriales. Como ejemplo, y tomándolo de van Oven & Kayser (2009), algunos linajes (como el europeo H4) no pueden ser asignados con certeza a un haplogrupo en base sólo a la Región Control mientras que otros, utilizando esta misma región alcanzan una resolución mayor (p.ej. J1b1). Gracias a métodos nuevos de secuenciación masiva y a la disminución de sus costos, cobra importancia el análisis del genoma mitocondrial completo, mediante el cual es posible analizar más cantidad de sitios, diferenciando un mayor número de linajes maternos y, por consiguiente, ampliando la posibilidad de establecer diferencias y afinidades entre los grupos poblacionales.

Haplotipo y Haplogrupo: conceptos

Considerando el carácter no recombinante de la molécula de ADNmt y su tipo de herencia, la diversidad molecular en término de número y tipo de polimorfismos, es el resultado de mutaciones acumuladas secuencialmente en cada linaje materno. Estas combinaciones de marcadores polimórficos acumuladas en una misma molécula de ADNmt, determinan el perfil genético de un individuo y de su linaje materno y se lo conoce como **haplotipo**. A su vez, al conjunto de mutaciones compartidas por más de un haplotipo que son comunes a un grupo poblacional, se lo define como **haplogrupo** (Goodwin et al., 2007, p. 126; Kivisild et al., 2006, pp. 153-157). En lo que respecta a la presente tesis se nombrará como haplogrupos a los asignaciones más generales halladas (p. ej. B2) y sub-haplogrupos a las variantes internas dentro de estos (p.ej. B2b). Asimismo, se utilizará el término “clado” indistintamente del nivel al cual se refiera.

Los haplogrupos se identifican con letras mayúsculas y con una secuencia de caracteres alfanuméricos para los sub-haplogrupos. En cuanto a la nomenclatura, cabe destacar que, si bien se han establecido reglas (Richards et al., 1998), estas no son siempre utilizadas consistentemente (van Oven, 2015; van Oven & Kayser, 2009). Tal como expone Motti (2012),

la nomenclatura que rige a los haplogrupos y sub-haplogrupos no es clara y es necesario de un conocimiento previo para poder diferenciar las categorías inclusivas.

Con relación a los haplogrupos característicos del continente americano, podemos mencionar el trabajo de Schurr et al. (1990). En este estudio, los autores plantean que el origen ancestral del ADNmt de América deriva de, por lo menos, cuatro linajes fundadores (A, B, C y D), los cuales se habrían diversificado en su dispersión por el continente. También se encuentra presente, aunque restringido al norte de América del Norte, el haplogrupo X2a, cuyo origen, si bien es controversial, se cree proviene de una población ancestral de Siberia y que se habría dispersado a través del corredor libre de hielo entre Laurentide y la *Cordilleran ice sheets* (Perego et al., 2009). Su hallazgo en muestras pre-históricas, ha permitido, tempranamente, situarlo como un quinto haplogrupo fundador (Forster et al., 1996).

La divergencia de estos haplogrupos dio origen a la diversidad de sub-haplogrupos observada en poblaciones actuales. Sin embargo, para analizar la continuidad y reemplazo de estos linajes, es necesario contar con información de muestras arqueológicas que permitan contrastar los datos con los de poblaciones contemporáneas. Cobran importancia en este punto los estudios de ADN antiguo.

4.5 ADN antiguo

Concepto e historia

Herrmann & Hummel (1994), definieron el ADN antiguo (ADNa) como “cualquier volumen o rastro de ADN de un organismo muerto o partes de él, así como el ADN de un organismo vivo encontrado extracorporalmente.” Bajo esta definición, todo material genético que haya sufrido un proceso autolítico o diagenético es considerado ADNa, independientemente de su edad. Es decir, esta definición no implica una temporalidad, sino más bien un estado. Trabajos más recientes, como los de Orlando y colaboradores (2021) y Nieves-Colón y colegas (2021), definen al ADNa como “fragmentos de ADN ultracortos y degradados que se conservan en diferentes tipos de material subfósil [...],” o como “el material genético que sobrevive en restos orgánicos recuperados de contextos arqueológicos, históricos o paleontológicos,” respectivamente.

A principios de los años 80, se realizó la primera aproximación al estudio del ADNa al obtenerse ADN del cuerpo preservado de una mujer con una antigüedad de 2000 años AP (Wang & Lu, 1981 citado en Nieves-Colón et al., 2021). Poco después, en 1984, se logró extraer y secuenciar fragmentos cortos de ADN de un espécimen de museo de quagga, una especie de cebra extinta desde principios del siglo XX (Higuchi et al., 1984). En 1997 las

primeras secuencias de Neanderthal fueron recuperadas por el reciente premio Nobel de Fisiología o Medicina, Svante Pabbö. Desde entonces, y en particular en las últimas décadas, gracias a los avances metodológicos y al aumento del poder analítico de los métodos bioinformáticos (véase Nieves-Colón et al., 2021 y Orlando et al., 2021), los estudios de ADN se han incrementado exponencialmente, llegando, en la actualidad, a superar los 10.000 trabajos publicados (dato obtenido de PubMed).¹⁰ Estos avances, los cuales incluyen nuevas técnicas de extracción y amplificación de ADN, generación de bibliotecas genómicas y métodos de capturas, entre otros y en conjunto con el uso de métodos de secuenciación de nueva generación o NGS, han permitido, recuperar ADN de una variedad más amplia de sustratos y en un rango temporal mucho más extenso, siendo el registro más antiguo hasta el momento reportado, el ADN de un caballo conservado en permafrost, datado entre 560.000 y 780.000 años AP (Orlando et al., 2013).

El número creciente de publicaciones sobre ADN, así como el aumento de muestras de individuos humanos incorporadas en dichos estudios, ha llevado a importantes avances en el conocimiento científico, especialmente en el campo de la historia evolutiva del *Homo sapiens*, en el entendimiento de la domesticación de plantas y animales y en el origen y la evolución de patógenos y microbiomas, entre otros tópicos (Orlando et al., 2021). Sin embargo, la vorágine de la disciplina ha generado también discusiones éticas sobre dichas prácticas, las cuales, desde una perspectiva latinoamericana, han sido abordadas en esta tesis (véase el capítulo 5 y los apéndices allí citados).

Desafíos en el estudio de ADN antiguo

Sin duda, el estudio de ADN humano en interrelación con otras disciplinas como la arqueología y la bioantropología, ha enriquecido el conocimiento acerca de las poblaciones antiguas, sobre sus estilos de vida y sobre cómo evolucionaron a lo largo del tiempo. Sin embargo, y a pesar de estos avances metodológicos y tecnológicos, el estudio de ADN antiguo presenta algunos desafíos que deben ser sorteados. Estas complicaciones se deben en gran medida al proceso natural de degradación *posmortem* que sufre el material genético de un individuo y a las condiciones ambientales de preservación a las que esté sometido dicho cuerpo o material.

Cuando un organismo muere, el ADN endógeno, es decir, aquel propio del individuo, comienza un proceso de degradación natural debido al cese de las actividades de la maquinaria reparadora de daños la cual se constituye por un gran conjunto de proteínas, entre ellas la ADN polimerasa, ADN ligasa y ADN helicasa, entre otras. Factores ambientales como

¹⁰ Búsqueda “ancient DNA” en <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov> (fecha: mayo del 2023)

la temperatura, la humedad, la radiación solar, entre otros, junto con la falta de maquinaria de reparación activa, hacen que las cadenas de ADN acumulen daños químicos y físicos. Uno de ellos es la fragmentación de las cadenas de ADN producida por la actividad de la enzima nucleasa, resultando en fragmentos típicamente menores a ~100-150 pb de longitud (Figura 6). Además, debido a una mayor exposición de los extremos de las secuencias, la desaminación de la base citosina a uracilo aumenta la frecuencia de la base timina hacia el extremo 5' de los fragmentos secuenciados y, por lo tanto, en el extremo 3' se observa un aumento de transiciones guaninas por adeninas (Fulton & Shapiro, 2019, p. 3).

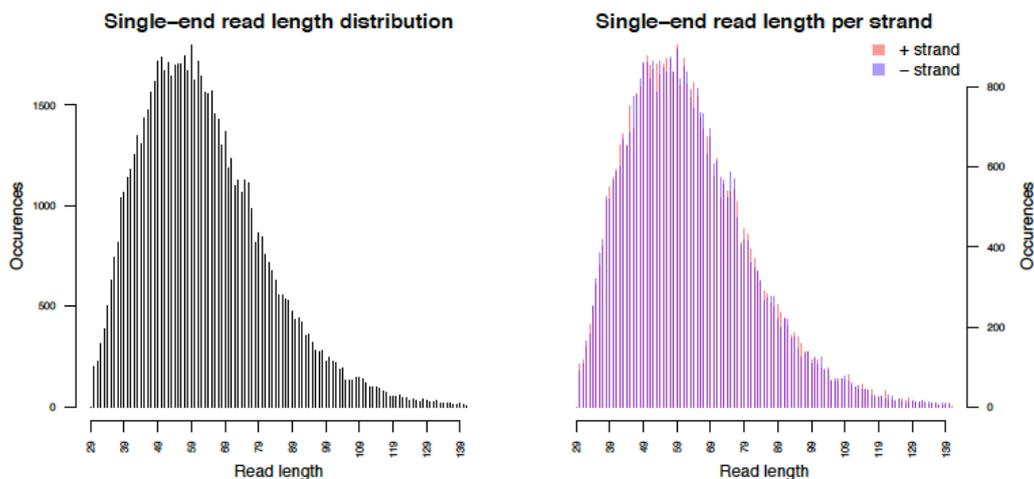


Figura 6: Ejemplo de distribución de largos de fragmentos de ADN salido de MapDamage v2.0 (Jónsson et al., 2013). La gráfica muestra la ocurrencia (occurrences) observada para un largo de fragmento (read length) determinada.

Por otro lado y continuando con los retos que presenta el estudio de ADN, sucede que cuando se extrae ADN de restos arqueológicos, también se extrae ADN de microorganismos que, en conjunto con el ADN moderno de quienes han manipulado las muestras, constituye el ADN exógeno o ADN contaminante. La baja cantidad de material genético disponible en muestras arqueológicas antiguas, hace proclive la amplificación por PCR de los fragmentos de ADN provenientes de fuentes contaminantes. Este ADN exógeno afecta la calidad y la precisión de los análisis subsiguientes y debe ser cuidadosamente eliminado o reducido durante el proceso de muestreo y de análisis bioinformático.

En este sentido, mientras que los fragmentos de ADN no humano son eliminados bioinformáticamente al hacer el mapeo contra el genoma de referencia hg19 (véase el capítulo 6), el ADN humano moderno no es eliminado tan fácilmente (Fulton & Shapiro, 2019, p. 6). Una solución para este problema, además de tomar precauciones adicionales para la correcta

extracción y amplificación del extracto (véase capítulo 6), es restringir los análisis a aquellos fragmentos que presenten el patrón de daño característico del ADN_a (Renaud et al., 2015) (

Figura 7).

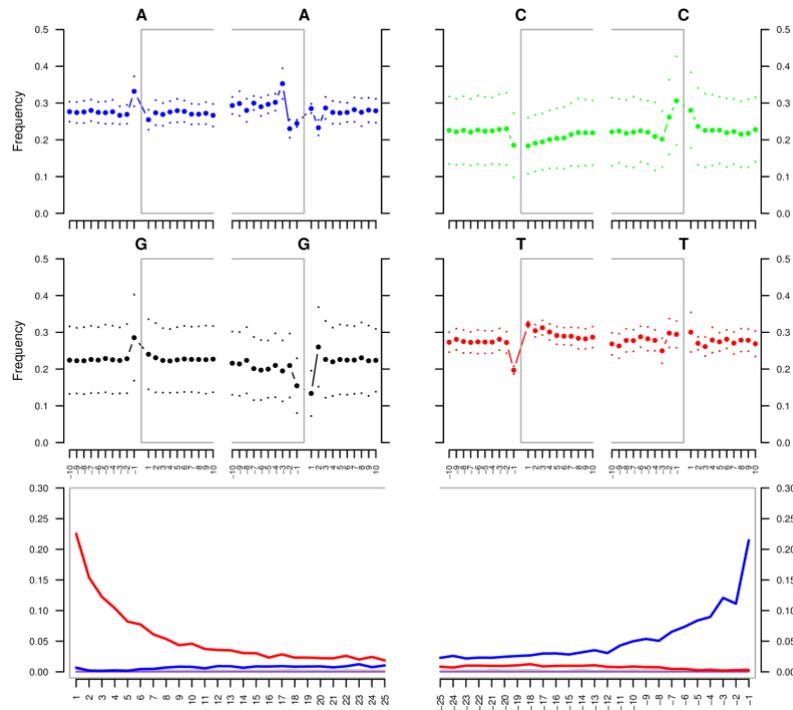


Figura 7: Patrones de daño esperado para una muestra de ADN antiguo. Los cuatro (4) gráficos superiores representan la frecuencia de las respectivas bases fuera y dentro del read (recuadro gris corresponde a la lectura). El gráfico inferior, muestra la frecuencia de sustituciones nucleotídicas (eje Y) para las primeras 25 bases (eje X) de los extremos 5' (izquierda) y 3' (derecha). La línea de color rojo representa las sustituciones C por T, la azul G por A. En gris se representan todas las restantes sustituciones y en violeta las inserciones relativas a la referencia. Gráfico tomado de Jónsson et al. (2013).

Las diversas características presentadas con anterioridad, constituyen los desafíos más importantes en la obtención y en el estudio de ADN_a. Sin embargo, al mismo tiempo, estas características son aprovechadas como parámetros de autenticidad en los análisis realizados (véase el capítulo 6). Por ejemplo, la ausencia de los patrones de daños del ADN_a se utiliza como criterio para evaluar la presencia de ADN moderno o contaminante en las muestras antiguas analizadas. En resumen, las características del ADN_a son tanto un desafío como una oportunidad para la investigación científica y deben ser abordadas con precaución y rigor metodológico para obtener resultados precisos y confiables.

4.6 Consideraciones y aclaraciones pertinentes al desarrollo de esta tesis doctoral

Definición de Patagonia y otras divisiones geográficas

A lo largo del desarrollo de esta tesis se presentó la dificultad de establecer divisiones geográficas ampliamente utilizadas en los análisis bioantropológicos con el fin de hacer referencia a los individuos recuperados de contextos arqueológicos. La utilización de estas divisiones varían entre los diferentes autores como así también, entre trabajos de un mismo autor (véase por ejemplo regiones definidas en Motti et al., 2023; Politis & Prates, 2018; Prates et al., 2013).

Sin dejar de soslayar los patrones migratorios que pudieran explicar la presencia de los individuos en sus lugares de entierro, en la presente tesis doctoral se utilizará instrumentalmente, la división de Argentina representada en la Figura 1 del capítulo 2 para hacer referencia a los individuos y grupos poblacionales que fueron hallados en dichas regiones geográficas. Particularmente, la Patagonia, será entendida en su definición amplia, como la región geográfica comprendida entre el río Colorado al norte y el Cabo de Hornos al sur, el océano Atlántico al este y el océano Pacífico al oeste (Gómez Otero 2006, pp. 66-67) (Figura 1). Asimismo, se dividirá a la región patagónica en sub-regiones, definidas como **Patagonia norte**, comprendida en su extremo norte por la latitud 36°10' S y en su extremo sur por el inicio de lo que se refiere a **Patagonia central**, comprendida entre los paralelos 42°S y 46°S (Gómez Otero & Bellelli, 2006). Por su parte **Patagonia sur** se delimita por los límites norte y sur de la actual provincia de Santa Cruz (46° y 52° S), mientras que **Patagonia insular** representa el área comprendida entre la margen sur del estrecho de Magallanes y el cabo de Hornos (Figura 1).

Dado que el rango temporal que compete al presente estudio antecede a las divisiones políticas de los Estados nacionales como se entienden en la actualidad, se obviará en esta división geográfica el límite político Chile-Argentina tal como se representa en la Figura 1. Este enfoque, permite entender el concepto de frontera como la última de las tres acepciones desarrolladas por Jelin (2000, p. 334). Según esta autora:

“Están las fronteras como espacios marginales —a veces imaginados como vacíos— donde el Estado no está presente. Son las fronteras en el sentido inglés de *frontier*, tierra vacía que deberá (o ‘invita a’) ser ocupada y conquistada. Y está también el hecho de que la frontera, sea con mojones que separan o sin esas marcas en el territorio, está para (o ‘invita a’) ser cruzada. Pero además, también están las fronteras que ‘se viven,’ en un cruzar de ida y vuelta permanente. La

frontera separa, la frontera se ocupa, la frontera se cruza y se vive. El límite (*boundary*) separa, la frontera (*frontier*) se ocupa, la 'zona fronteriza' (*border*) se vive.”

La división propuesta para la región Patagonia entiende a la frontera como una zona fronteriza en el sentido *border*, similar a la concepción de “espacios fronterizos” de Bandieri quien define a estos como espacios sociales donde se dan relaciones complejas (Bandieri, 2009, pp. 13-16).

Asimismo, en base a evidencias arqueológicas del área que compete a la presente tesis doctoral, se definirán a su vez microrregiones para la Patagonia central (véase capítulo 2 para los antecedentes arqueológicos)

Sobre el uso de etnónimos y otros términos empleados en la disciplina

En el marco del presente trabajo se entenderá el concepto de **etnónimo** como “*cualquier nombre usado para referirnos a un grupo étnico, persona o población*” (Di Fabio Rocca et al., 2021). Su utilización en la literatura científica aplicada a individuos de poblaciones humanas ancestrales y afiliadas a comunidades actuales ha sido debatido largamente, puesto que se ha observado que su uso, dentro de un mismo trabajo y entre trabajos, es inconsistente e injustificado y suele abarcar amplios rangos temporales (P. Cruz, 2017; Di Fabio Rocca et al., 2021), lo que soslaya el carácter dinámico y cambiante de cualquier población.

Para la región patagónica el uso de etnónimos ha sido profundamente estudiado y debatido por Lidia Nacuzzi (1998, 2005), quien sostiene que los nombres comúnmente asignados por otros autores a las naciones étnicas y difundidos en la literatura, corresponden a un panorama válido para mediados del siglo XIX (Nacuzzi, 1998, 2005, p. 18). En los papeles de archivo del período comprendido entre los años 1779 y 1784, analizados por Nacuzzi, aparece poco mencionado, por ejemplo, el etnónimo “tehuélche;” sin embargo, el término es aplicado casi con exclusividad y sin aparente fundamentación a los grupos de Patagonia extrandina en las obras analizadas por la misma autora (Nacuzzi, 1998, 2005, pp. 109-110). Asimismo, esta crítica hacia la “extrapolación en el tiempo” podría también aplicarse a etnónimos actuales que se extrapolan a poblaciones del pasado. Nacuzzi (2005) destaca en su reflexión crítica sobre los rótulos étnicos que, si bien es cierto que en la investigación histórica sobre pueblos indígenas se requiere el uso de etnónimos como una forma de ubicar al lector y evitar confusiones, también es necesario ser conscientes de las implicancias políticas, sociales y culturales que conlleva su uso (Nacuzzi & Lucaioli, 2017). Esto se aplica a la historia y también a otras disciplinas como la antropología y la sociología, en las cuales el uso de etnónimos

puede tener un impacto en la percepción y representación de los grupos poblacionales estudiados.

Por lo expuesto y basada en evidencias arqueológicas, en lo que concierne a los individuos ancestrales de la vertiente Atlántica de la provincia del Chubut, resulta conveniente apelar al concepto de *Identidades Impuestas* desarrollado por Nacuzzi (1998, 2005) y remitirse a hablar de grupos “cazadores-recolectores” cuando refiera a poblaciones o individuos hallados en contextos arqueológicos de dicha zona, entendiendo que, de igual manera, con esta herramienta operativa corremos el riesgo de homogeneizar el diverso y complejo mundo de interrelaciones de los grupos poblacionales bajo estudio. Se evitará el uso de “población extinta,” término que niega la realidad actual e invisibiliza a las comunidades de descendientes y se utilizarán alternativamente los términos “ancestros,” “poblaciones ancestrales” y/o “poblaciones originarias,” términos ampliamente usados entre las comunidades descendientes del área bajo estudio como se pudo comprobar empíricamente a través del acercamiento a dichas comunidades (véase el capítulo 8).

Por otro lado, en la presente tesis se evitará el uso de los términos “Amerindio”, “Nativo(s) Americano(s)” y “Primeras naciones” implementados previamente en trabajos de autoría y coautoría propia (Parolin et al., 2018; Parolin, Toscanini, et al., 2019; Tamburrini et al., 2021), entendiendo que estos nacen en contextos diferentes y conllevan, por lo tanto, concepciones arraigadas a dichos contextos (Birney et al., 2021). En su lugar, se utilizarán los términos “Indígena” y “población Indígena” definidos en la Ley N° 23.302/85 del año 1985 como al “conjunto de familias que se reconozcan como tales por el hecho de descender de poblaciones que habitaban el territorio nacional en la época de la conquista o colonización e indígenas o indios¹¹ a los miembros de dicha comunidad (artículo 2).”

En lo que respecta a la bibliografía citada a lo largo del desarrollo de este manuscrito, a fines prácticos se respetará la categorización étnica utilizada en esos trabajos.

¹¹ Es importante tener en cuenta la advertencia de Guillermo Bonfil Batalla (1972, citado en Briones 2008), quien señala que la categoría “indio” no es descriptiva sino estructural, y surge de relaciones de explotación y dominación engendradas en la época colonial.

CAPÍTULO 5: MARCO ÉTICO-SOCIAL

Este capítulo describe el trabajo en materia de bioética realizado en el marco de la presente tesis doctoral. El desarrollo del mismo derivó en dos artículos científicos que abordan los aspectos ético-sociales del estudio de poblaciones reconocidas como ancestrales por las actuales comunidades originarias de la provincia del Chubut y la repercusión de dichos estudios en las comunidades descendientes (Apéndice A y B). Esto significó el acercamiento a la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut que se tradujo en reuniones, organización de talleres y charlas brindadas a las comunidades originarias en el marco de actos culturales por invitación de dicho organismo. Se trata de un tema complejo y sensible que requiere un abordaje cuidadoso y riguroso desde un punto de vista ético y social. A través de los trabajos publicados, se persigue contribuir, desde una perspectiva local y contextualizada, a las guías que buscan establecer mejores prácticas en la investigación científica que involucra el estudio de restos arqueológicos de poblaciones ancestrales.

5.1 Motivación y acercamiento a la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut

En el marco de las constantes preocupaciones del quehacer científico vinculado a las comunidades indígenas de todo el mundo, muchos autores han alzado su voz con relación a las implicancias éticas de los estudios en general y de los estudios genéticos en particular (Claw et al., 2018; Cortez et al., 2021; Harry, 2009; Kaestle & Horsburgh, 2002). Más aún en aquellas investigaciones que involucran a poblaciones ancestrales dado que los estudios de ADN en humanos no están sujetos a las mismas regulaciones bioéticas y legales que aquellos proyectos que contemplan “individuos vivos,” quienes gozan de la facultad de dar su consentimiento (Fleskes et al., 2022). Esto ha llevado a la generación de pautas y recomendaciones éticas desde diferentes enfoques y con intereses específicos, algunas de las cuales han sido criticadas (Fleskes et al., 2022; Somel et al., 2021; Tsosie et al., 2021; Yáñez et al., 2022). Sin embargo, como mencionan autores Nativos Americanos e investigadores comprometidos con la lucha de los derechos de los pueblos indígenas, ninguna de las recomendaciones ha sido sancionada bajo ley o ha sido puesta en práctica (Fleskes et al., 2022).

En un contexto de reivindicación de los pueblos originarios y de respeto por la diversidad cultural, en este trabajo doctoral se vela por el desarrollo de una tesis que se alinea conforme a los estándares éticos actuales. Con este objetivo, una de las directoras de esta tesis, María Laura Parolin (MLP) y la tesista, Camila Tamburrini (CT), se reunieron con el Director de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut y miembro de la comunidad Mapuche-

Tehuelche Ceferino Namuncurá-Valentín Sayhueque, el Sr. Ricardo Rubén Romero Saihueque (RRS). En el primer encuentro llevado a cabo en la ciudad de Rawson, sede de la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut (dependiente de la Subsecretaría de Derechos Humanos del Ministerio de Gobierno y Justicia de la provincia), se trataron dos temas principales. En una primera instancia se invitó a RRS a participar como coautor de un artículo científico de carácter ético respecto del estudio de poblaciones ancestrales a través de ADN. En segundo lugar, se debatió la posibilidad de realizar encuentros periódicos en formato de talleres con miembros de las comunidades originarias de la provincia. El primero de los temas tratados buscó poner en conocimiento a la Dirección de Asuntos Indígenas sobre las preocupaciones ético-sociales arraigadas en los estudios genómicos de poblaciones indígenas. Esto llevaría a implementar, con una mirada crítica, algunas de las recomendaciones propuestas por expertos en el tema y a contribuir a las pautas éticas internacionales con recomendaciones propias basadas en la experiencia aprendida del historial de relaciones entre científicas del IDEAus-CONICET y las comunidades originarias de la provincia. Para lograr este objetivo desde un marco que contemple el respeto por los actuales descendientes de las poblaciones ancestrales de la región, resultó imperativo incorporar la perspectiva y la voz de RRS quien fuera el representante de la Dirección de Asuntos Indígenas del Chubut y, por lo tanto, el referente legal de las comunidades de la provincia. Este organismo tiene, entre otras, la función de “[p]restar asistencia científica, técnica, jurídica, administrativa y económica a las comunidades Indígenas por cuenta propia o en coordinación con otras instituciones [...]”¹² constituyendo un puente de comunicación entre las comunidades originarias de la provincia y diferentes instituciones.

Por otro lado, mediante el desarrollo de talleres, se pretende difundir el trabajo y los resultados obtenidos en el marco de esta tesis doctoral y dar espacio a que otros miembros y referentes de comunidades originarias de la provincia compartan sus opiniones y preocupaciones. De esta forma, se amplían las diferentes perspectivas del trabajo científico que involucra individuos ancestrales. Asimismo, los talleres se proponen como un espacio para compartir e intercambiar saberes, pareceres, experiencias e inquietudes relacionadas con la investigación genética y genómica realizada en poblaciones ancestrales de la región. Esto permite establecer una ciencia basada en una aproximación que contemple los impactos de la investigación en las comunidades descendientes, a la vez que brinde un espacio para comenzar a construir objetivos conjuntos que consideren las inquietudes específicas de las comunidades.

¹² Decreto provincia N° 1276. Accedido: <https://boletin.chubut.gov.ar/archivos/boletines/Febrero%2027,%202020.pdf>

A la primera reunión, le siguieron dos encuentros más con RRS en los que se debatieron puntos críticos del artículo de carácter ético mencionado y se consensuaron los objetivos y la modalidad de los talleres. Finalmente, por medio de un acta emitida por la Dirección de Asuntos Indígenas se informó sobre la aceptación de RRS a participar como coautor del mencionado artículo y la aprobación de la institución de formar parte del desarrollo de los talleres mencionados. En dicha resolución quedaron plasmados los objetivos y modalidad de estos talleres y se fijó una fecha para el primero de ellos (Resolución 281-2022 DDHH GCSG; Apéndice C).

5.2 Hacia un marco ético y legal en arqueogenómica: un caso local en la costa atlántica de la Patagonia central

Como resultado de las iniciativas mencionadas, se han escrito dos artículos. Uno de ellos fue publicado en la revista *American Journal of Biological Anthropology (AJBA)* y constituye un trabajo realizado en conjunto con la Dra. María Ávila Arcos, responsable del Laboratorio de Genómica Evolutiva y Poblacional del LIIGH-UNAM, México, lugar donde se llevó a cabo el procesamiento de las muestras tomadas de individuos ancestrales enmarcadas en esta tesis. El mismo lleva como título: "Hacia un marco ético y legal en arqueogenómica: un caso local en la costa atlántica de la Patagonia central" (Tamburrini, Dahinten et al. 2023), esta publicación es el resultado de meses de encuentros y entrevistas con RRS y de un exhaustivo trabajo de revisión bibliográfica referido a las problemáticas éticas que rodean a los estudios de ADN a en poblaciones ancestrales humanas, vinculadas cultural y espiritualmente a comunidades indígenas contemporáneas de la provincia (véase Apéndice A).

En el mencionado artículo se desarrollan no solo los aspectos ético-sociales y legales que enmarcan los estudios genómicos de pobladores ancestrales y las comunidades descendientes contemporáneas que habitaron y habitan la actual provincia del Chubut, sino que se desarrolla la historia de las relaciones establecidas con anterioridad al inicio de estos estudios por parte, principalmente, de dos investigadoras, la Dra. Julieta Gómez Otero y la Dra. Silvia Dahinten. Relaciones que, no sin disputas, han logrado establecer un vínculo de respeto por la diversidad cultural y por la pluralidad de perspectivas. En el artículo se incluye también la opinión de RRS quien, a través de una entrevista brindada a la tesista CT, narró su percepción de dichas relaciones, mencionando explícitamente el rol del Estado y de los organismos competentes que deben responder y acompañar, tanto ética como legalmente sus reclamos; entre ellos, los rescates arqueológicos. Asimismo, y a modo de contextualización, se expone sobre las comunidades indígenas de la provincia, un breve repaso de los intentos de invisibilización de estas comunidades a lo largo de la historia argentina del siglo XIX, la forma de trabajo sancionada por la Ley Provincial V número 160 del

Chubut y una descripción del Repositorio Bioantropológico del IDEAus-CONICET que resguarda los restos de los ancestros estudiados en esta tesis.

Luego de esta larga pero necesaria contextualización, se definieron como “desencadenantes de conflictos,” las principales preocupaciones de los estudios de ADN observadas a nivel global. A partir de esto, nos comprometemos, utilizando un enfoque local, a aplicar algunas recomendaciones y acciones para mitigar los posibles daños y fortalecer y profundizar el vínculo de confianza generado por treinta y un años de trabajo entre el grupo de arqueología y bioantropología del IDEAus-CONICET y las comunidades indígenas de la provincia.

Como resultado de todo lo dicho y a partir de una inquietud personal, se generaron vínculos entre quienes nos encontramos estudiando desde el enfoque genómico las poblaciones ancestrales de la actual provincia del Chubut y dos de los entes provinciales más importantes en términos de regulación del patrimonio provincial: la ya mencionada Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut (dependiente de la Subsecretaría de Derechos Humanos del Ministerio de Gobierno y Justicia de la provincia) y la Subsecretaría de Cultura del Chubut (dependiente de la Secretaría de Ciencia, Tecnología, Innovación Productiva y Cultura de la provincia).

Si bien el trabajo presentado en la AJBA fue publicado en inglés, la versión completa en castellano fue anexada como material suplementario en dicha publicación y en la presente tesis (Apéndice A).

5.3 Comunicación del taller: ciencias genómicas y saberes de los pueblos originarios. Provincia del Chubut, Argentina

El segundo artículo, fruto de las relaciones establecidas con la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut y titulado “Comunicación del taller: ciencias genómicas y saberes de los pueblos originarios. Provincia del Chubut, Argentina,” (Tamburrini, Romero Saihueque et al., 2023) corresponde a la comunicación del primer encuentro llevado a cabo el 2 de julio del 2022 en el Centro Cultural por la Memoria de la ciudad de Trelew (Chubut, Argentina). El trabajo fue publicado en la *Revista del Museo de Antropología (RMA)* de la Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.

La comunicación en forma clara y accesible de los resultados ha sido ampliamente sugerida entre las pautas éticas que deben regir a una investigación genética (Claw et al., 2018; Wagner et al., 2020). Por consiguiente, a partir del diálogo con la Dirección de Asuntos Indígenas y, posteriormente, de la comunicación directa de los participantes del taller, se advirtió que la difusión de los resultados realizada a través de medios radiales y diarios locales

sobre los estudios antropogenéticos realizados por nuestro equipo de trabajo en poblaciones cosmopolitas de Patagonia (ver links¹³), resulta ser insuficiente e ineficiente para alcanzar a las comunidades originarias de la región. A pesar del interés que demuestran las comunidades en estos estudios (según lo obtenido en las encuestas realizadas en el taller; véase el Apéndice B), es de destacar que no estaban en conocimiento de dichos estudios ni de las notas periodísticas que, de hecho, enfatizaban la frecuencia dominante del componente materno indígena a través del ADNmt en las poblaciones urbanas analizadas. Considerando este escenario, los talleres propuestos se presentan como una oportunidad de diálogo con los miembros de las comunidades indígenas y con otros actores interesados, con el objetivo de compartir e intercambiar conocimientos, opiniones, experiencias e inquietudes relacionadas con la investigación genética y genómica realizada tanto en poblaciones contemporáneas cosmopolitas como en poblaciones ancestrales de la provincia.

El artículo mencionado se adjunta en el Apéndice B en esta tesis. En él se comparten las experiencias de este primer encuentro y se presentan los resultados de una encuesta anónima destinada a evaluar el desarrollo y a diagramar mejoras para futuros encuentros.

Cabe aclarar que el contacto entre las investigadoras a cargo de los estudios genéticos/genómicos y las comunidades originarias de la provincia, no se limitó al taller y a su difusión previa. Hubo una serie de eventos que sostuvieron la intención de acercamiento y colaboración como la presencia de las instituciones, IDEAus-CONICET y Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut en actos culturales como el IX y X Aniversario de la restitución del sitio arqueológico Loma Torta, el acto celebrado el 28 de julio del 2022 en la ciudad de Puerto Madryn en conmemoración a la memoria del desembarco de los galeses, el primer encuentro de la mujer indígena celebrado el 5 y 6 de septiembre del 2022 y el izamiento de la bandera Mapuche-Tehuelche el 11 de octubre del mismo año en las instalaciones del IDEAus CCT CONICET-CENPAT¹⁴ en memoria del *Último día de Libertad de los Pueblos Originarios* (véase capítulo 8).

En síntesis, estos dos artículos abordan las dimensiones ético-sociales y legales de la disciplina arqueogenómica, y lo hace desde un posicionamiento local y contextualizado. Indiscutiblemente, el campo del ADN abre la posibilidad de estudiar el pasado de forma directa con un alcance temporal sin precedente en otras disciplinas (Orlando et al., 2021; Schwartz-Marin, 2015). Sin embargo, es necesario generar nuevos acercamientos que contemplen la pluralidad de voces y el respeto mutuo. Solo a través de la multiplicidad de

¹⁴ Noticia del izamiento: <https://ideaus.conicet.gov.ar/el-pasado-11-de-octubre-se-izo-en-el-cenpat-la-bandera-mapuche-tehuelche/>

perspectivas podremos evitar perpetuar la marginalización que las comunidades indígenas han sufrido históricamente. Al mismo tiempo, esta nueva perspectiva enriquecerá la investigación científica.

CAPÍTULO 6: MATERIALES Y MÉTODOS

Para el desarrollo de la presente tesis se realizaron dos estancias de trabajo y formación en el marco de un acuerdo de cooperación internacional entre el Laboratorio de Genómica Evolutiva y de Poblaciones del LIIGH-UNAM (México) y el IDEAus-CONICET (Argentina). En estas estancias se realizaron capacitaciones en métodos de laboratorio relacionados al trabajo con ADN y análisis bioinformáticos de datos genómicos. Este acuerdo de cooperación se enmarcó en estándares actuales que buscan establecer prácticas de investigación sustentables y colaboraciones que involucren el intercambio de conocimiento, el desarrollo de capacidades, el respeto mutuo y la participación equitativa, como ha sido sugerido en la literatura reciente (Ávila-Arcos et al., 2022; Haelewaters et al., 2021).

6.1 Obtención de las muestras bioarqueológicas

El Repositorio Bioantropológico

Las muestras analizadas en la presente tesis doctoral provienen de individuos resguardados en el Repositorio Bioantropológico localizado en las instalaciones del IDEAus-CONICET. Dicho depósito fue designado como repositorio oficial de materiales bioantropológicos y arqueológicos de la provincia en 1988, y es actualmente cogestionado por la Subsecretaría de Cultura de la Provincia del Chubut y el IDEAus-CONICET.

Este Repositorio se encuentra bajo el amparo de tres leyes provinciales: la Ley Provincial XI N°11 (antes Ley 3559) y su Decreto Reglamentario N° 1387/98, la que designa a la Subsecretaría de Cultura de la Provincia del Chubut como ente regulador de la ley, controlando la tenencia y el estudio de restos arqueológicos. La Ley Provincial V N°159 a través de la cual la provincia de Chubut adhiere a la Ley Nacional de Restitución (Ley N° 25517) y empodera a las comunidades originarias respecto de la toma de decisiones de los restos de sus ancestros y materiales arqueológicos asociados. La Ley Provincial V N°160 que dispone las pautas y normas relacionadas al hallazgo, manipulación y destino de los restos arqueológicos (Millán & Dahinten, 2019). Las mencionadas leyes otorgan un mayor respaldo y participación de las comunidades originarias en la toma de decisiones respecto de sus ancestros. En este sentido, se destaca que, previa a su promulgación, las prácticas de restitución y colaboración con los pueblos originarios eran procedimientos implementados en el grupo de trabajo, entendiendo que la clave de las buenas relaciones y de la comunicación se basan en el respeto por el otro y en la valoración de sus saberes. Para un mayor desarrollo de la normativa ética y legal y de la historia de las relaciones entre las investigadoras a cargo

del resguardo de los individuos del Repositorio y las comunidades descendientes, remitirse al capítulo 5 y a los apéndices allí citados.

A la fecha, el Repositorio se conforma por restos esqueléticos humanos de 227 individuos reconocidos como ancestros por las actuales comunidades originarias de la provincia del Chubut. Estos individuos fueron exhumados de ochenta y un sitios arqueológicos de la provincia (78 del nordeste y tres de la Meseta Central) y de un sitio al sur de la provincia de Río Negro (Millán & Dahinten, 2019). A excepción de los individuos provenientes de donaciones de terceros (aproximadamente restos de 30 individuos), los restantes fueron exhumados mediante rescates arqueológicos sistemáticos y controlados por el equipo de Arqueología y Bioantropología del IDEAus-CONICET, por lo que cuentan con una adecuada contextualización arqueológica e información de materiales culturales asociados. Asimismo, el Repositorio ha sido analizado bioantropológicamente por el equipo liderado por la Dra. Silvia Dahinten. La mayoría de estos individuos fueron encontrados de manera fortuita dando conocimiento y participación a la Subsecretaría de Cultura de la Provincia, a la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut y a las investigadoras del IDEAus-CONICET a cargo de las exhumaciones. Para un desarrollo en detalle del trabajo en conjunto de estos tres entes remitirse al capítulo 5 y a los apéndices allí citados.

Asimismo, cabe mencionar la Colección Bioantropológica Frengüelli-Brunet. Dicho repositorio es parte del patrimonio de la Fundación Joaquín Frengüelli fundada en 1997 por el naturalista aficionado Rodolfo Brunet y custodiada por el IDEAus-CONICET desde febrero del 2017 a pedido de la Subsecretaría de Cultura de la provincia (expediente N°162-GB-97). La mal llamada “colección,” ahora parte del Repositorio Bioantropológico del IDEAus-CONICET, está integrada por un número mínimo de 67 individuos, 56 procedentes de la provincia del Chubut, uno (1) de San Antonio Oeste (Río Negro) y 10 sin procedencia (Millán et al., 2019). De los 56 individuos procedentes de la provincia del Chubut, 33 provienen de un sitio ubicado en el Departamento Florentino Ameghino, en la costa sureste de la provincia (sitio Cabo dos Bahías, 44°55'26"S 65°33'12"O). Los individuos del repositorio Frengüelli-Brunet recibieron el mismo tratamiento que los individuos resguardados en el Repositorio institucional, realizando los estudios y la curaduría correspondientes la Dra. Silvia Dahinten y las técnicas a cargo (Lic. Gabriela Millán y Lic. Nadia Mohamed) (Millán et al., 2019).

Selección de las muestras: procedencia y criterios

En el marco de la presente tesis, se recolectaron un total de 60 muestras de individuos rescatados de 38 sitios arqueológicos de la provincia del Chubut y resguardados en el ya mencionado Repositorio del IDEAus-CONICET. Veintiocho de estos sitios se ubican en la

costa noreste de la provincia del Chubut (microrregiones VIRCH, PV y Transición), seis (6) pertenecen a la costa sureste de la provincia (microrregión SEP) y cuatro (4) son del área de la meseta (microrregión Meseta; región centro-oeste) (Figura 8). Siguiendo las recomendaciones consignadas por las técnicas del laboratorio del IDEAus-CONICET, durante el proceso de muestreo, se priorizó la toma de piezas dentales permanentes que se encontraran en buena condición de preservación y salud dental, es decir, con poco desgaste, sin raíces expuestas y sin caries. En caso de no contar con estas piezas o que ellas se encontraran en malas condiciones de preservación, se decidió muestrear tejido óseo compacto. Los detalles de cada pieza procesada se encuentran en la Tabla S2.

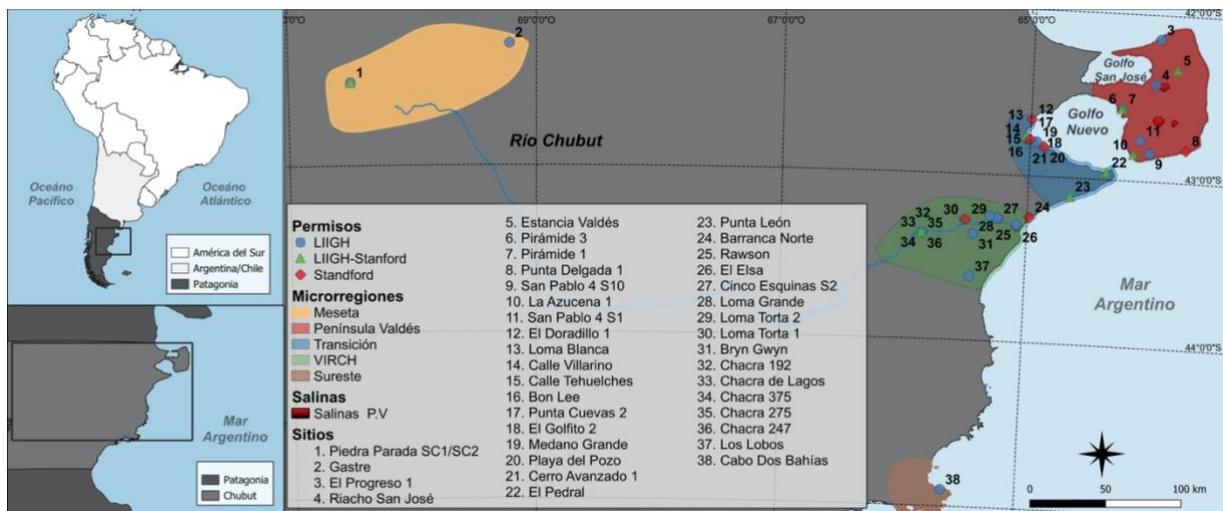


Figura 8: Sitios arqueológicos de los cuales se han analizado restos humanos en la presente tesis doctoral. De un mismo sitio pueden haberse analizado más de un individuo. En sombreado de colores se muestran las microrregiones delimitadas con fines comparativos. Los permisos refieren a las autorizaciones otorgadas por la Subsecretaría de Cultura del Chubut y la Dirección del Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano (INAPL) para la exportación de las muestras al Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH-UNAM, México) y al Bustamante's Lab (Universidad de Stanford, USA) por Camila Tamburrini y M. Laura Parolin, respectivamente. Para más especificaciones remitirse a la Tabla S1 y S2

A fin de responder los objetivos planteados en el capítulo 3 y dada la dificultad que implica la obtención de material genético de muestras de individuos antiguos (véase capítulo 4) el muestreo se llevó a cabo teniendo en cuenta las siguientes variables: 1) *estado del material arqueológico e información complementaria*: se seleccionaron los individuos con mejor condición de preservación, atendiendo a las recomendaciones de los profesionales competentes (Dra. Silvia Dahinten, Dra. Julieta Gómez-Otero y Lic. Gabriela Millán). Asimismo, se priorizaron aquellos individuos que contaran con fechado radiocarbónico y AMS, información de contextualización arqueológica, perfil biológico y dieta, entre otra información; 2) *temporalidad*: con la intención de analizar la variabilidad genética a escala temporal se prefirió el muestreo de individuos que contaran con fechado radiocarbónico directo; 3) *procedencia geográfica*: a fin de analizar la variabilidad genética a escala espacial y

atendiendo a las observaciones arqueológicas presentadas en los antecedentes de esta tesis, se muestrearon exhaustivamente dos microrregiones: el **VIRCH** y la microrregión **PV** (Figura 8). A estos individuos se les suman los recopilados y procesados previamente por la Dra. María Laura Parolin en Bustamante's Lab de la Universidad de Stanford (USA), y cuyos permisos serán debidamente informados en el trabajo en proceso de publicación de Parolin et al. (en preparación). Las microrregiones delimitadas y los sitios arqueológicos de los cuales se tienen muestras óseas de individuos ancestrales se representan en la Figura 8.

Por último, y dada la escasez de datos genéticos en la aquí denominada Patagonia central, se incorporaron muestras de individuos procedentes de la costa que conecta el valle inferior del río Chubut con la Península Valdés. Dicha microrregión fue nombrada como **TRANSICIÓN**. Con el mismo objetivo, se muestreó la costa sureste de la provincia (microrregión **SEP**; sitio Bahía Camarones, coordenadas: 44°46'56.57"S 65°34'46.52"O) y el área de la meseta central (microrregión **MESETA**; sitios Gastre, 42°16'00"S 69°13'00"O y Piedra Parada, 42°39'36"S 70°06'07"O) (Figura 8).

Exportación de las muestras: marco ético-legal

Dado que, al momento de iniciar con la presente tesis doctoral no se contaba, a nivel nacional, con un laboratorio especializado en la obtención de material genético de muestras antiguas, se estableció un acuerdo binacional con el Laboratorio de Genómica Evolutiva y de Poblaciones a cargo de la Dra. María Ávila-Arcos y dependiente del LIIGH (Santiago de Querétaro, México). El grupo de investigación a cargo de la Dra. Ávila-Arcos cuenta con un laboratorio especializado en ADN que cumple con los requisitos necesarios para garantizar la autenticidad de los datos genómicos obtenidos de las muestras. Por este motivo, se gestionó la exportación de las muestras arqueológicas descritas, con el propósito de realizar las actividades de procesamiento y análisis en las instalaciones del LIIGH-UNAM, México. Cabe mencionar que, gracias al esfuerzo de investigadores e investigadoras comprometidos con la ciencia nacional y, a pesar de las dificultades metodológicas y financieras, se han logrado procesar y analizar una considerable cantidad de individuos ancestrales a nivel de HVI y HVII. Entre los trabajos pioneros cabe mencionar los trabajos de Cristina Dejean, Cristian Crespo y demás miembros de su grupo de trabajo, entre otros investigadores e investigadoras nacionales. Recientemente, el Equipo de Antropología Biológica de la Universidad Maimónides de Buenos Aires han procesado muestras arqueológicas a resolución de mitogenoma en su laboratorio, algo importante de destacar (ver Arencibia et al., 2023).

Las muestras fueron exportadas en mano por la tesista de este proyecto considerando los aspectos éticos y legales correspondientes. En términos del primero, es necesario mencionar que el desarrollo de esta tesis cuenta con el aval del Comité de Bioética del Área programática Norte de la ciudad de Puerto Madryn (Nota N° 04/17; Apéndice D). Por otro lado, con relación a los aspectos legales, se pidió autorización ante la Subsecretaría de Cultura de la provincia del Chubut y a la Dirección del Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano (INAPL), antes de aplicación de la legislación vigente para la exportación del patrimonio arqueológico. Ambas entidades emitieron por escrito la conformidad de la exportación de las muestras (Nota N°35 2018/DI-SC MC/eb de la Subsecretaría de Cultura de la provincia y Disposición Número DI-2018-15-APN-INAPL#MC del INAPL) (Apéndice E y F). También se contó con el aval del director del IDEAus-CONICET tanto para la toma como para la exportación del material por fuera del Repositorio Bioantropológico del instituto (Apéndice G). Además, se obtuvo la aceptación por escrito de la entidad receptora (Laboratorio de Genómica Evolutiva y de Poblaciones del LIIGH-UNAM, México) (Apéndice H).

6.2 Obtención de material genético

Medidas de prevención de contaminación

La dificultad que supone la obtención de ADN_a (véase el capítulo 4 para un desarrollo del tema), obliga a extremar los recaudos para evitar contaminación de ADN exógeno (no propio del individuo a ser analizado), como así también a implementar métodos específicos de extracción y de purificación, los cuales deben ser cuidadosamente implementados para garantizar la recuperación de la mayor cantidad de material genético posible.

En primer lugar es necesario contar con un laboratorio aislado de posibles fuentes de contaminación con infraestructura y equipamiento exclusivo para el tratamiento de muestras antiguas. En este sentido, y como se mencionó con anterioridad, el laboratorio de ADN_a a cargo de la Dra. Ávila-Arcos cuenta con las medidas necesarias para la obtención de material genético antiguo según las recomendaciones de Kemp & Glenn-Smith (2010) (Figura 9). Entre las recomendaciones edilicias y de equipamiento de mayor relevancia con las cuales cuenta el LIIGH-UNAM se encuentran: 1) la separación física del laboratorio de otras áreas donde se manipulan muestras contemporáneas y productos de PCR (Figura 9a); 2) la utilización de dispositivos de irradiación UV en todos los sectores del laboratorio incluido un equipo para irradiar el material arqueológico; 3) la separación del área de procesamiento del material óseo y dental del área de extracción y generación de bibliotecas genómicas (Figura 9c), y 4) la utilización de una campana de flujo laminar horizontal en un ambiente estéril equipado con luz

UV para las reacciones de extracción de ADN antiguo y la preparación de bibliotecas genómicas (Figura 9c; sector 2).



Figura 9: Instalaciones del LIIGH-UNAM (México) donde se realizó el procesamiento de las muestras arqueológicas. Las fotos muestran: a) la separación física entre el laboratorio de procesamiento de muestras contemporáneas (1) y el laboratorio de procesamiento de muestras antiguas (2); b) una cabina de mangas aislante donde se realiza el corte y la limpieza superficial de las muestras por raspado con un dremel y c) la separación de área de procesamiento del material (sector 1) y el área de extracción de ADN y construcción de bibliotecas genómicas (sector 2).

Otras recomendaciones con relación al operador y aspectos técnicos del laboratorio con las que se ha cumplido durante el procesamiento del material arqueológico son: 1) la inclusión de controles negativos tanto en la etapa de extracción de ADN como de construcción de bibliotecas genómicas para identificar falsos positivos de amplificación y contaminación con ADN exógeno y 2) la utilización de vestimenta adecuada para evitar contaminación por parte del operador (cofia, doble barbijo, doble par de guantes de vinilo estériles, botas quirúrgicas, mangas protectoras de brazos y overol de laboratorio desechable).

Procesamiento del material

Previo al procedimiento de obtención del material genético, se sometió el material arqueológico a un proceso de limpieza a fin de eliminar restos de impurezas y posibles contaminantes e inhibidores superficiales producto de su manipulación durante las excavaciones y análisis bioantropológicos. Este procedimiento se llevó a cabo en cada muestra de forma individual y aislada bajo condiciones estrictas de seguridad, en un sector del laboratorio dedicado a este fin (Figura 9; sector 1). Posteriormente, para la extracción de ADN y la generación de bibliotecas genómicas, se utilizó un sector separado físicamente del utilizado para el proceso de limpieza y corte siguiendo las recomendaciones especificadas en las medidas de prevención de contaminación (Figura 9; sector 2). La descontaminación superficial consistió en una limpieza con hipoclorito de sodio al 5%, seguido de etanol al 70% y agua de calidad molecular. Luego de esta limpieza se irradió la pieza con UV a 256nm durante 40 segundos por lado, utilizando un equipo *crosslinker*. En caso de notar porosidad en el material arqueológico se utilizó solamente agua de calidad molecular a fin de evitar la degradación del material genético por contacto con el cloro.

Una vez limpio, en el caso del material dental, se separó la corona de la raíz utilizando un disco de corte dremel 7700 esterilizado, en condiciones controladas dentro de una cabina de mangas aislante a fin de evitar la dispersión del polvo (Figura 9b). La corona fue almacenada para ser devuelta al Repositorio del IDEAus-CONICET. Por su parte, la raíz extraída fue envuelta en papel aluminio y sometida a fragmentación mecánica con un martillo. En el caso de material óseo no dental, se pulió la superficie con el dremel en la cabina esterilizada y, de la misma manera que al material dental, se lo fragmentó mecánicamente con el martillo.

De cada muestra se separó entre 100 y 200mg de material fragmentado en tubos de ependorff LowBind de 1,5 mL para su posterior paso de digestión.

Extracción de ADN

La extracción del material genético se realizó a partir de entre 100 a 200mg de material fragmentado siguiendo los protocolos de Rohland & Hofreiter (2007) y Dabney et al. (2013) modificados. Un detalle de cómo fueron llevados a cabo estos procedimientos, así como el procesamiento del material se adjunta en el Apéndice I. Se dividió el total de muestras en tandas de extracción por día de trabajo nombradas alfabéticamente; es decir, el primer día se procesaron un total de siete (7) muestras nombradas desde la A01 hasta la A07, el segundo ocho (8) muestras nombradas como B08 hasta la B16 y así sucesivamente hasta extraer el ADN de la totalidad de las muestras. En cada tanda se utilizó un negativo de extracción como

testigo de contaminación, el cual consiste en la incorporación del mix de reactivos con agua de calidad molecular en lugar de una alícuota de ADN.

Tanto el método de extracción de Rohland & Hofreiter (2007) como el de Dabney et al. (2013) constan de una primera **etapa de digestión** la cual consiste en un lisado celular y liberación de los ácidos nucleicos del resto de los componentes celulares. El procedimiento se realizó a 37°C durante 16 a 24 horas con un buffer que contiene 0,45 M EDTA, 1% TE buffer (opcional en el caso del método de Dabney et al., 2013), 1% proteinasa K y 0.5% N-laurylsarcosine. Una vez realizada la digestión se separó el sobrenadante del material digerido. Los restos de material fueron almacenados a -4°C para futuros estudios y el sobrenadante fue transvasado a un tubo ependorff LowBind de 1,5 mL. Posteriormente, dicho sobrenadante se combinó con un buffer de unión (PB buffer de Qiagen, phenol red, NaCl y Na Acetato), con el objetivo de aislar y concentrar el ADN mediante adsorción con partículas de sílica en el caso del protocolo de Rohland & Hofreiter (2007) y con filtros MinElute en el caso del protocolo de Dabney et al. (2013). Los remanentes celulares fueron eliminados mediante lavados con buffers que contienen etanol (PE buffer de Qiagen). Finalmente se eluyó el ADN en un buffer de baja salinidad (EB buffer de Qiagen). Para especificaciones de cada método de extracción ver los respectivos protocolos (Dabney et al., 2013; Rohland & Hofreiter, 2007).

Una vez extraído el ADN, se realizó una cuantificación mediante el Kit de ensayo Qubit® de ThermoFisher para dsDNA HS (del inglés double-stranded DNA high sensitive), para corroborar la presencia de ácidos nucleicos en el extracto. Posteriormente, se almacenó el extracto de ADN a -20°C dentro del laboratorio de ADNa.

Construcción e indexado de bibliotecas genómicas

La construcción de bibliotecas genómicas, es un paso fundamental para la posterior secuenciación de las moléculas de ADN por métodos de secuenciación MPS. Estos métodos permiten analizar múltiples muestras en una misma corrida de secuenciación (Meyer & Kircher, 2010). En este trabajo se implementó el protocolo de construcción de bibliotecas de doble cadena de Meyer & Kircher (2010), para el cual se utilizaron 30uL de extracto de ADN. Se acompañó cada tanda de generación de bibliotecas con un control negativo de contaminación. El protocolo detallado se adjunta en el Apéndice J.

Dado que la plataforma de secuenciación desarrollada por la compañía Illumina requiere fragmentos de ADN no mayores a 600 pb con adaptadores conocidos, el proceso de construcción de bibliotecas genómicas implica la obtención de fragmentos de ADN de longitud inferior a 600 pb, a los cuales se les añaden adaptadores específicos (P5 y P7) en los

extremos 5' y 3' de la secuencia (Meyer & Kircher, 2010). En el caso del ADN antiguo, que ya se encuentra naturalmente fragmentado, no fue necesario realizar el paso de fragmentación. Los adaptadores mencionados permiten que los fragmentos de ADN se unan a la celda de secuenciación mediante complementariedad de bases, lo cual es fundamental para el posterior proceso de secuenciación por síntesis y en puente.¹⁵ Asimismo, estos adaptadores tienen sitios de unión de cebadores (Rd1 y Rd2) para la extensión de la cadena complementaria por parte de la enzima polimerasa que dará lugar a la amplificación de los fragmentos de ADN (Figura 10). Este proceso se conoce como *clustering* y se pueden encontrar más especificaciones técnicas en la página web de la empresa (<https://www.illumina.com>).

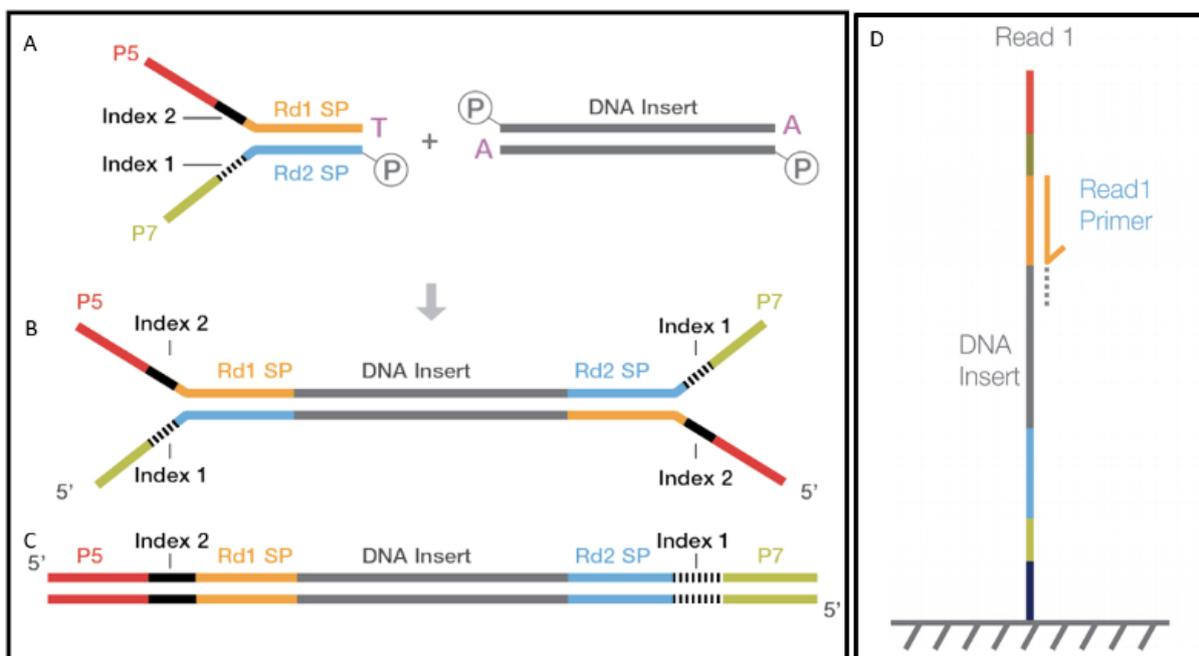


Figura 10: Representación esquemática de la incorporación de adaptadores durante la generación de bibliotecas genómicas. A. Preparación del inserto de ADN (DNA Insert). B. Adición del complejo de adaptadores al inserto target. C. Producto final listo para ser adherido a la celda de secuenciación .D. Esquema de un fragmento de ADN adherido a la celda de secuenciación por complementariedad del adaptador P5/P7 fragmento de ADN producto final de la generación de biblioteca genómica. Figura tomada de <https://knowledge.illumina.com>.

Como punto fundamental de la generación de bibliotecas genómicas, un index es colocado entre estos pares de adaptadores mediante amplificación. Este procedimiento, conocido como *indexing*, consiste en agregarle a cada fragmento de ADN una secuencia nucleotídica de entre 6 y 8 pares de bases, de combinación única para cada muestra. Esto se lleva a cabo mediante

¹⁵ Para especificaciones sobre el método de secuenciación Illumina por síntesis y en puente visitar el sitio <https://www.youtube.com/watch?v=fCd6B5HRaZ8>

la técnica de PCR en tiempo final, utilizando un blanco de PCR como control de contaminación y de amplificación. Este *index* o *barcode* permite asociar bioinformáticamente cada fragmento secuenciado a su muestra de origen. Un esquema representativo del producto final de la generación de bibliotecas se especifica en la Figura 10.

Una vez indexadas, las muestras fueron sometidas a una limpieza y selección de fragmentos mediante el kit comercial SPRIselect (Beckman Coulter, Inc¹⁶). Una vez limpias, se realizaron los *pools* de secuenciación que consisten en agrupar múltiples muestras de ADN en una sola reacción de secuenciación. Los protocolos detallados de indexado y limpieza se especifican en el Apéndice K.

Secuenciación: sistema NextSeq 550 de Illumina

Las bibliotecas genómicas fueron enviadas al servicio de secuenciación del Laboratorio de Servicio Genómicos del LANGEBIO (CINVESTAV-Irapuat, <http://langebio.cinvestav.mx/labsergen/>). Estas fueron secuenciadas por método *shotgun* utilizando la plataforma Illumina NextSeq550 a rendimiento medio (2 x 75 pares de bases). Esta plataforma utiliza la tecnología de secuenciación por síntesis y en puente la cual permite recuperar millones de fragmentos de ADN menores a 600 pares de bases de todo el genoma humano, tanto nuclear como mitocondrial (Meyer & Kircher, 2010).

Captura del ADN mitocondrial

A fin de obtener el genoma mitocondrial completo a alta profundidad, se realizó el protocolo de myBaits Mito (www.arborbiosci.com/mybaits-manual), siguiendo las especificaciones del fabricante sin modificaciones. El procedimiento se llevó a cabo en aquellas muestras en las que la secuenciación *shotgun* realizada a cobertura media de todo su genoma no llegó a cubrir la totalidad del genoma mitocondrial o en aquellas que, si bien su secuenciación cubría toda la mitocondria, presentaron baja cobertura vertical o también llamado profundidad de secuenciación (X), lo cual impide asignar con seguridad las variantes diagnósticas de nuevos sub-haplogrupos.

6.3 Análisis bioinformáticos de calidad y autenticidad

Calidad de secuenciación y remoción de adaptadores

Una vez obtenidas las secuencias, se concatenaron los diferentes carriles de secuenciación para cada muestra y se eliminaron las secuencias de los adaptadores ligados a los insertos

¹⁶ https://research.fredhutch.org/content/dam/stripe/hahn/methods/mol_biol/SPRIselect%20User%20Guide.pdf

de ADN durante la generación de bibliotecas genómicas, mediante el programa AdapterRemoval v2 (Schubert et al., 2016). Estos adaptadores deben ser removidos bioinformáticamente para que no influyan en el mapeo de las secuencias contra el genoma humano de referencia. Esta remoción se realizó utilizando un largo mínimo de fragmentos de 30 pares de bases y un filtro de calidad de bases mínimo de 25. Posteriormente se realizaron análisis bioinformáticos para estimar la calidad de secuenciación mediante el programa FastQc 0.11.3 (Wingett & Andrews, 2018). Esta herramienta permite visualizar varias propiedades de los datos crudos, como distribución de largo de fragmentos y secuencias duplicadas producto de la PCR, entre otros.

Alineamiento de los fragmentos contra el genoma humano de referencia hg19 (GRCh37) y rCRS

Para poder definir el correcto orden de los fragmentos secuenciados y restablecer así el genoma parcial de cada individuo, se sometió el archivo fastq que contiene las secuencias colapsadas “*fq.gz” generado mediante adapterremoval/1.5.4 de cada muestra, a un contraste (mapeo) con la versión hg19 del genoma humano de referencia, utilizando el programa BWA v0.7.12 (Li & Durbin, 2009) y estableciendo como calidad mínima de mapeo un umbral de 25 y una semilla de 350. De esta manera, aquellos fragmentos que no mapearon con una calidad de 25 o más, fueron eliminados del archivo de salida utilizado para los análisis subsiguientes. Esto se realizó con la versión hg19 (GRCh37) del genoma completo humano sustituyendo el cromosoma mitocondrial (chrM) por la referencia de Cambridge (rCRS; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/251831106>). La sustitución se realizó para eliminar los NUMts (del inglés *Nuclear Mitochondrial DNA*). Estas son secuencias de ADN mitocondrial que se encuentran insertadas en el genoma nuclear. A partir de este archivo se separó la información autosómica de la mitocondrial con samtools/0.1.18 y bwa/0.7.8. En este mismo análisis se realizaron estimaciones de mapeo y filtrados de calidad como porcentaje de *reads* mapeados (samtools view -bh -F4), porcentaje de *reads* mapeados con una calidad igual o mayor a 25 (samtools view -bh -q 25) y con una semilla de 350, eliminación de los fragmentos duplicados productos de PCR (samtools rmdup -s) y estimación de porcentaje de ADN endógeno obtenido, también conocido como *unique reads* (samtools view -c; véase la Tabla S2). Estos filtrados y parámetros estimados fueron realizados mediante las diferentes opciones mencionadas y disponibles en la herramienta samtools/0.1.18 bajo parámetros por defecto (Tabla 2).

El mapeo permite, también, eliminar bioinformáticamente posible material genético no humano como ADN ambiental y de patógenos u otros microorganismos que se encuentran en el sustrato del cual fue obtenido el resto arqueológico.

Autenticidad del ADN humano: análisis de patrones de daño, distribución del largo de fragmentos y estimación de la contaminación

La verificación del patrón de daño característico de ADN (Figura 7) se llevó a cabo mediante el software MapDamage v2.0 (Jónsson et al., 2013) para cada muestra secuenciada a partir de los archivos *.bam* salido del mapeo contra el genoma de referencia mitocondrial y hg19 (GRCh37). Asimismo, se utilizó la opción *-rescale*, la cual recalcula la calidad de las bases ubicadas en los extremos de las secuencias en base a un modelo estadístico bayesiano de daño. Esto permite bajar la calidad de las bases que tengan más probabilidad de corresponder a daño *post-mortem*, de tal manera que al aplicar filtros de calidad en los análisis subsecuentes, éstas no sean tomadas en cuenta.

Tabla 2: Resumen de los análisis bioinformáticos de calidad de las secuencias y parámetros de autenticidad

Análisis bioinformáticos		
Fase de análisis	Programas	Referencias
Control de calidad de la secuenciación	fastqc/0.11.3	Wingett & Andrews, (2018)
Eliminación de adaptadores	adapterremoval/1.5.4	Schubert et al., (2016)
Mapeo (hg19 GRCh37 y rCRS) y estimadores	bwa/0.7.12 samtools/0.1.18	Li & Durbin, (2009); https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_012920.1 ; http://www.htslib.org
Eliminación de duplicados de PCR	samtools/0.1.18 – rmdup	Danecek et al., (2021); http://www.htslib.org
Estimación de contaminación basado en ADNmt	Schmutzi	Renaud et al., (2015)
Patrones de daño	MapDamage v2.0	Jónsson et al., (2013)
Longitud de fragmento	atlas/3feb2017 MapDamage v2.0	Kieser et al., (2020); https://github.com/metagenome-atlas/atlas ; Jónsson et al., (2013) ;
Cobertura vertical	atlas/3feb2017	Kieser et al., (2020)
Cobertura horizontal: (Posiciones cubiertas al menos una vez/16569)	Awk/16569	Danecek et al. (2021); http://www.htslib.org

Dada la fragmentación natural *post-mortem* que sufre con el paso del tiempo el material genético de un individuo, la estimación de la longitud de los fragmentos obtenidos es también un estimador de la autenticidad de ADN (véase el capítulo 4). La estimación de la longitud promedio de las secuencias se calculó con el programa ATLAS (Kieser et al., 2020) a partir del archivo *.bam* salido del mapeo contra el genoma de referencia mitocondrial. Asimismo, el programa MapDamage v2.0 permite visualizar la frecuencia de las longitudes de los fragmentos mediante un gráfico de distribución de secuencias. Este último programa grafica la ocurrencia de las diferentes longitudes obtenidas para una muestra (Figura 6), mientras que ATLAS arrojan la longitud promedio observado en una muestra.

El grado de contaminación provenientes de las diversas fuentes mencionadas en el capítulo 2, se estimó a partir del ADNmt, mediante el programa Schmutzi desarrollado por Renaud et al. (2015). Un resumen de los programas utilizados y de los análisis de calidad de secuenciación y autenticidad se detalla en la Tabla 2.

6.4 Linajes maternos: ADN mitocondrial

Determinación de los haplotipos y haplogrupos

Los perfiles de ADNmt fueron generados con la herramienta samtools *mpileup* a partir de los archivos *rescale.bam* salidos del mapeo contra el genoma mitocondrial de referencia. La asignación de cada haplotipo a su correspondiente haplogrupo materno más probable, se realizó mediante el programa HaploGrep 2.0 (Weissensteiner et al., 2016) utilizando como archivo de entrada el *.fasta* consenso generado por el programa schmutzi. Las asignaciones de haplogrupos fueron estimadas a partir de la última versión de Phylotree mtDNA tree Build 17 (van Oven & Kayser, 2009) y refinadas manualmente a partir de bibliografía actualizada. Se estableció como criterio mínimo la presencia de dos mitogenomas con variantes diagnósticas para la asignación de nuevos sub-haplogrupos, con el recaudo de que dichas variantes no se basaran únicamente en una posición hipermutable de la Región Control mitocondrial. Los puntos mutacionales y la cobertura para cada polimorfismo fue confirmado manualmente a partir de los archivos *rescale.bam* utilizando Tablet v1.19.05.28 (Milne et al., 2013).

Los perfiles de ADNmt consenso en formato *.fasta* fueron generados a partir de schmutzi (Renaud et al., 2015).

Estimación de la cobertura

Un parámetro importante para poder establecer con certeza un polimorfismo es la cobertura vertical o profundidad (X), definida como el promedio de veces que fue leída una base de la cadena de ADN. Dado que las técnicas de secuenciación masiva involucran fragmentos al azar del genoma completo, algunas regiones pueden ser leídas (léase secuenciadas), en promedio, más veces que otras. Si más de un fragmento involucra la lectura de una misma base nitrogenada y esta es consistente en la mayoría de dichas lecturas, entonces podemos garantizar que la asignación de esa base es verdadera y no producto de un error de secuenciación. En el presente estudio se determinó una cobertura mínima requerida de tres lecturas (3X) por base para la determinación y asignación de polimorfismos mitocondriales. Para las posiciones nodales esperadas, el criterio fue un poco más permisivo en casos donde la profundidad de secuenciación lograda no llegara a ser 3X. La cobertura horizontal por otro

lado, se define como el porcentaje del genoma medido en bases nitrogenadas que fue leído mínimamente una vez (posiciones secuenciadas aunque sea una vez dividido el número total de bases nitrogenadas en la mitocondria: 16569). Tanto la cobertura horizontal como la vertical fueron estimadas mediante las herramientas bioinformáticas AWK y ATLAS a partir del archivo *.bam*.

Determinación de nuevos sub-haplogrupos

La frecuencia de cada haplogrupo y sub-haplogrupo fue estimada por conteo directo. Las variantes de nuevos clados mitocondriales que no se hallaron descritas en las bases de datos ni en la bibliografía de referencia y cuya incidencia fue encontrada en dos o más haplotipos diferentes, fueron asignadas como diagnósticas de nuevos sub-haplogrupos. Estos sub-haplogrupos fueron nombrados arbitrariamente siguiendo los lineamientos de nomenclatura establecidos (Richards et al., 1998; van Oven & Kayser, 2009) y respetando la nomenclatura utilizada en los trabajos de colegas si correspondiera.

6.5 Abordaje de los objetivos e hipótesis

Considerando a las fronteras como constructos políticos y no una limitación para el contacto de las poblaciones y el desarrollo de las sociedades (Bandieri, 2009, pp. 13-16) y atendiendo al rango temporal analizado en la presente tesis, es importante aclarar, tal como se hizo alusión en el marco teórico, que las divisiones aquí propuestas responden a una necesidad metódica y descriptiva y que bajo ningún punto su uso hace alusión a regiones habitadas por poblaciones estáticas. Las regiones mencionadas se delimitaron en la Figura 1. En cuanto al rango temporal utilizado, se adoptó la división de Gómez Otero & Svoboda (2022). Las delimitaciones temporales definidas por estas autoras y establecidas en años radiocarbónicos, se basan en evidencias arqueológicas, etnohistóricas y ambientales de la Patagonia argentina. De acuerdo con esta clasificación, se considera como Holoceno medio (HM) al período comprendido entre los 7400 y 4000 años AP, al Holoceno tardío inicial (HTI) entre 3990 y 2000 años AP y al Holoceno tardío final (HTF) entre los 1990 y 200 años AP. Asimismo, las autoras definen como “post-contacto europeo” al período que, por datación radiocarbónica, haya arrojado fechados menores a 200 años AP; siendo el presente, por convención, el año 1950 de nuestra Era.

Análisis filogenéticos

Con el fin de determinar la filogenia de los clados identificados en el presente estudio, se realizó un análisis comparativo entre los resultados obtenidos y los mitogenomas de individuos ancestrales y contemporáneos previamente publicados. La base de datos confeccionada

incluyó individuos de la región del centro del país (incluida la región pampeana), de Patagonia norte, sur e insular, así como muestras de otras regiones o países necesarias para una correcta determinación filogenética. Una lista detallada de los individuos incorporados en los análisis se proporciona en la Tabla S4.

Los mitogenomas seleccionados con fines comparativos fueron alineados manualmente con el programa MEGA v11.0.8 (Tamura, Stecher & Kumar 2021) para cada haplogrupo por separado siguiendo la aproximación de Capodiferro et al. (2021) recomendada en Bravi et al. (2022). A partir de estos alineamientos, se generaron las respectivas redes de haplotipos mediante el programa Network v5.0.0.1 (Bandelt et al., 1999) utilizando el método median joining y máxima parsimonia como opción de post-procesamiento. Se excluyeron de los análisis las inserciones y deleciones (comúnmente conocidos como *indels*) en las posiciones 309-315, 515-522, 3107, 16182-16193 y 568-573, así como la posición hipervariable 16519. Los parámetros que ofrece el programa Network 5.0.0.1 fueron inicialmente establecidos por default y posteriormente modificados según el requerimiento de cada clado.

A partir de las redes de haplotipos se generaron manualmente los respectivos árboles filogenéticos utilizando como referencia Phylotree (<https://phylotree.org/>; van Oven & Kayser, 2009) y los árboles previamente publicados por García et al. (2021) y Motti et al. (2023). Estos árboles fueron comparados con la topología obtenida a partir de árboles estimados por el método de Máxima Verosimilitud [*i.e.* Maximum Likelihood, ML (Felsenstein, 1981)] usando el programa RaxML (Stamatakis, 2016). Se determinaron los soportes de ramas para el árbol de Máxima Verosimilitud luego de 1000 réplicas de Bootstrap. Todo el análisis se llevó a cabo bajo la opción ML + rapidbootstrap, donde la búsqueda del árbol óptimo se realiza estrictamente por ML pero los árboles de bootstrap se obtienen bajo métodos más flexibles (*e.g.* Neighbor Joining).

Para aquellos trabajos disponibles en la bibliografía cuya resolución de análisis contemplaron las regiones hipervariables I (HVI), II (HVII) o la Región Control, se realizó una búsqueda manual de las posiciones diagnósticas y otras de interés para los resultados aquí presentados.

Análisis demográficos: estimación de los tiempos de coalescencia y BSP

La historia demográfica y los tiempos de coalescencia de los clados de interés para esta tesis fueron calculados mediante una aproximación bayesiana con el programa BEAST v2.7.4 (Bouckaert et al., 2019). Previo a este análisis y a fin de determinar los límites entre regiones genómicas reconocidas, las secuencias obtenidas (véase la Tabla S4) fueron incorporadas en la base del *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) y procesadas usando

BLAST. Posteriormente, se utilizó esta información para determinar el esquema óptimo de particiones de la matriz mitogenómica mediante el programa PartitionFinder v.2.1.1 (Lanfear et al., 2012). Este programa, escrito en lenguaje Python, determina el mejor esquema de partición de los datos a partir del alineamiento en formato phylip y especificaciones requeridas en el archivo `partition_finder.cfg` (Apéndice L). A su vez, este programa estima el mejor modelo evolutivo para cada bloque, lo que es especialmente útil cuando se utilizan datos de mitogenomas completos ya que la tasa de mutación y, por lo tanto, el modelo evolutivo, puede no ser homogéneo para toda la matriz. La asignación de diferentes modelos evolutivos por bloque permite mejorar la estimación de los análisis filogenéticos subsiguientes (Lanfear et al., 2012). PartitionFinder se corrió bajo los siguientes parámetros: i) largos de rama ligados entre particiones, ii) *rcluster* como algoritmo de búsqueda, iii) selección de modelos evolutivos cubriendo todos los formatos (*models = all*) y iv) Criterio Bayesiano de Información (*BIC*) para la selección de modelos y del esquema de particiones estadísticamente mejor soportado. Luego de este procedimiento se halló un total de cinco (5) particiones en cada matriz. Sin embargo, el mejor modelo de sustitución para cada una resultó ser el mismo (GTR + G + I), por lo tanto, los análisis siguientes fueron realizados asumiendo la matriz como una única partición.

Los tiempos de coalescencia se estimaron con BEAST 2 (Bouckaert et al., 2019) bajo un modelo de árbol *Bayesian Skyline* (Drummond et al., 2005), implementado en la librería BDSKY de BEAST, corriendo 4 cadenas de Markov durante 400×10^6 generaciones y muestreando cada 1000 generaciones. Esto se realizó haciendo una corrida inicial para una inspección de los parámetros y posteriormente, se realizaron corridas sucesivas ajustando los parámetros hasta su convergencia, es decir, hasta obtener valores de ESS mayores a 200 en cada uno de ellos.

El modelo de evolución molecular seleccionado fue TN93 con gamma 0,026 para la matriz constituida por los individuos de la Patagonia central recopilados en esta tesis (N = 48). El modelo y los valores de gamma fueron calculados empíricamente por el algoritmo *jmodeltest* (Posada, 2008) implementado en RaxML. Dado que PartitionFinder no cuenta con la totalidad de los modelos posibles, se decidió implementar el modelo estimado por *jmodeltest* (TN93 + G) y no el arrojado inicialmente por PartitionFinder (GTR + G + I).

La búsqueda filogenética de BEAST se realizó con el algoritmo *neighborjoining2* utilizando un reloj molecular estricto con parámetros por *default*. La filogenia resultante fue comparada con el árbol obtenido por ML inferido previamente por RaxML. La raíz del árbol que incluye todas las regiones fue calibrada entre 15.000 y 30.000 años, en tanto que la raíz del árbol de Patagonia central fue calibrada entre 10.000 y 15.000 años, según información presentada en

recientes estudios (Prates et al., 2020). Los terminales de los árboles fueron calibrados utilizando sus edades radiocarbónicas AP ingresadas en la pestaña *tip dates* de BEAUTi. Dado que se ha reportado que la inexactitud en las dataciones tienen poco efecto en las estimaciones filogenéticas bayesianas calculadas por BEAST (Molak et al., 2012, 2015), se utilizaron fechados asociados o de contexto en aquellas muestras que no presentaban datación directa y, en aquellos casos donde se reportaba un rango temporal, se ingresó el valor medio.

La convergencia de los parámetros fue evaluada con Tracer v1.7 (Rambaut et al., 2018) y los árboles finales procesados con TreeAnnotator (<https://www.beast2.org/treeannotator/>) y FigTree v1.4.4 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>).

Por último, se estimó el tamaño poblacional efectivo a lo largo del tiempo a partir de un modelo coalescente bayesiano skyline extendido (BSP por sus siglas en inglés *Bayesian Skyline Plot*) (Drummond et al., 2005). Este modelo permite estimar el tamaño efectivo poblacional y evaluar cambios demográficos a través del tiempo.

Análisis de diversidad genética

Para evaluar la diversidad genética de la muestra poblacional bajo estudio, se estimaron diferentes parámetros calculados mediante el programa DnaSP v6 (Rozas et al., 2017) con la opción Pairwise-Deletion. Estos parámetros incluyeron el número de haplotipos (h), el número de sitios polimórficos (S), la diversidad nucleotídica (π), la diversidad haplotípica (Hd) y el número promedio de diferencias nucleotídicas (k). Al usar la opción Pairwise-Deletion, se excluyeron las posiciones de bases no secuenciadas (*gaps*) en las comparaciones entre pares específicos. Estos parámetros fueron estimados para el conjunto completo de individuos de la Patagonia central (N = 48). Además, con el fin de evaluar la diversidad genética según las variables de interés especificadas en los objetivos particulares de este estudio, también se calcularon estos parámetros para conjuntos de individuos categorizados por clados, microrregiones y temporalidad. Esto permite evaluar, en parte, los objetivos particulares 1, 3 y 4, respectivamente.

Análisis de diferencias genéticas entre microrregiones de interés

Los análisis estadísticos se llevaron a cabo en el entorno R (R Core Team, 2022) mediante funciones puntuales y scripts específicamente desarrollados (Apéndice M).

A fin de evaluar diferencias genéticas entre las microrregiones de interés para este estudio (objetivo particular 3), se utilizó la **prueba exacta de Fisher** (Fisher, 1962). La prueba se llevó

a cabo mediante la función nativa de R *fisher.test*, con aproximación del valor p mediante un procedimiento Monte Carlo con 2000 réplicas.

Mediante este análisis se puso a prueba la independencia entre las regiones o microrregiones geográficas establecidas *a priori* y las frecuencias de los clados mitocondriales hallados para cada microrregión. Esto se llevó a cabo contrastando la Hipótesis nula (H0) de *no asociación entre las frecuencias de clados y las microrregiones geográficas establecidas* con la Hipótesis alternativa (H1) de que *existe asociación entre las frecuencias de clados observadas y las microrregiones geográficas establecidas*. Si el valor p asociado a la prueba de Fisher es menor a 0,05 se rechaza la hipótesis nula y, por lo tanto, se concluiría que hay diferencias significativas en la distribución de los haplotipos entre las microrregiones, lo cual puede sugerir patrones de migración o evolución diferencial en las poblaciones humanas que las habitaron en el tiempo comprendido en esta tesis.

Para indagar más sobre la posible estructuración y diferenciación genética entre las regiones y microrregiones establecidas, se calcularon distancias PhiST a partir de las secuencias alineadas en formato fasta identificadas por microrregión. El **índice PhiST** estima la proporción de la varianza genética entre pares de poblaciones. El valor de PhiST varía entre 0 y 1, donde 0 indica que no hay diferenciación genética entre los pares de poblaciones analizados y 1 indica una mayor diferenciación genética entre los grupos. Los valores de PhiST fueron calculados con la función *pairPhiST* de la librería “haplotypes”, bajo 1000 permutaciones para el cálculo del valor p. Los valores p fueron representados gráficamente usando la función *levelplot* de la librería “lattice.”

Análisis de variación temporal

Con el fin de poner a prueba si existe una variación de la diversidad genética de la muestra poblacional bajo estudio a lo largo del período comprendido (entre 6080 y 200 años AP) (objetivo particular 4), se realizó una **prueba de Mantel**. La prueba se llevó a cabo con la librería “ape” (Paradis & Schliep, 2019) de R. El modelo de evolución molecular seleccionado fue el TN93 (Tamura & Nei, 1993) y el parámetro gamma fue ajustado a 0,0203. Tanto el modelo de evolución molecular como el parámetro gamma fueron estimados empíricamente mediante el algoritmo de *ModelTest* implementado en RaxML.

La prueba de Mantel evalúa la correlación entre la matriz de distancias genéticas y la matriz de distancias temporales Euclídeana generada a partir de las dataciones radiocarbónicas (¹⁴C años AP) de los individuos bajo estudio (Tabla S5.1 y Tabla S5.2, respectivamente). El coeficiente de correlación de Pearson es calculado entre estas dos matrices de distancias.

Este coeficiente varía entre -1 y 1, donde 1 indica correlación positiva, 0 indica ausencia de correlación y -1 indica correlación negativa. Si la Hipótesis nula (H_0) de no correlación o asociación significativa entre ambas matrices no es rechazada (valor $p > 0,05$), entonces podemos concluir que no se observan cambios sustanciales en la estructura genética de la población a lo largo del período analizado y que la variación observada en las distancias genéticas podría ser el resultado de variación aleatoria o de algún mecanismo evolutivo subyacente en proceso que no es susceptible de ser capturado en los análisis.

6.6 Información proveniente del ADN autosómico

Estimación del sexo molecular

Se estimó el sexo molecular para cada muestra basada en el método descrito por Skoglund et al. (2013). El método consiste en estimar un estadístico R_y que representa la fracción entre el número de *reads* que mapearon al cromosoma Y y el número total de *reads* que alinearon a ambos cromosomas sexuales. En caso de ser el cociente menor a 0,016, se infiere que el sexo molecular para ese individuo es XX, mientras que si el R_y es superior a 0,075 la muestra es asignada al sexo molecular XY. Los resultados obtenidos fueron contrastados con las determinaciones de sexado estimadas mediante métodos bioantropológicos por la Dra. Silvia Dahinten y las Lic. Gabriela Millán y Nadia Mohamed (Tabla S1).

6.7 Recursos informáticos

Parte de los análisis llevados a cabo en la presente tesis fueron realizados utilizando la infraestructura y recursos de supercómputo del Laboratorio Nacional de Visualización Científica Avanzada del LIIGH (LAVIS-LIIGH, UNAM, México). Estos análisis fueron ejecutados a través de una cuenta de acceso personal e intransferible.

CAPÍTULO 7: RESULTADOS Y DISCUSIÓN

7.1 Estado general de cada muestra y autenticidad de los resultados

Procesamiento

Un total de 21 dientes (en su mayoría molares y premolares) y 29 huesos diversos (Tabla S2; Figura 11) procedentes de 49 individuos¹⁷ fueron procesados utilizando la menor cantidad de material arqueológico posible (~0.02g). Treinta y ocho de estos individuos se enmarcan en los permisos solicitados en esta tesis doctoral, mientras que los restantes 12 fueron solicitados en el marco del trabajo en proceso de publicación de Parolin et al. (en preparación) y cuyos permisos serán reportados apropiadamente en ese trabajo (Tabla S1). De la totalidad de controles negativos incluidos en el procesamiento, un total de diez (10) fueron secuenciados. No se observó contaminación en ninguno de ellos (Tabla S2).

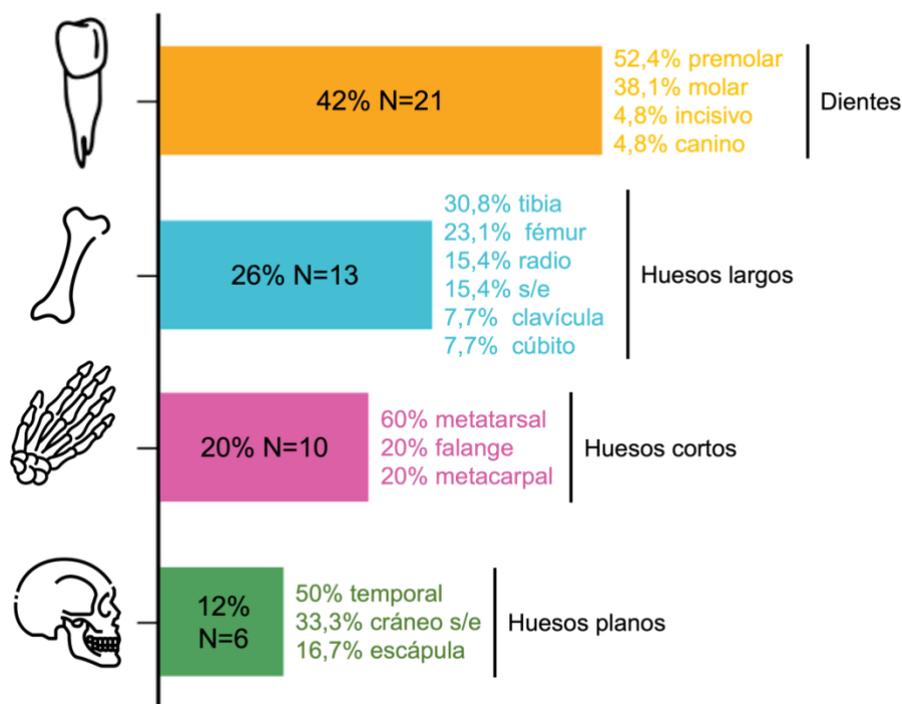


Figura 11: Tipo de material arqueológico procesado. N total = 50. s/e: sin especificar. Para más información remitirse a Tabla S2. Las figuras muestran lo más representativo de cada categoría.

Recuperación de ADN

Del total de muestras procesadas, 41 fueron secuenciadas más de una vez utilizando protocolos de extracción (Dabney et al., 2013; Rohland & Hofreiter, 2007) y distintas

¹⁷ El individuo CNP_ABI_072 fue procesado dos veces.

estrategias de bibliotecas (captura mitocondrial y *shotgun*) según el requerimiento mostrado por cada muestra en la primera ronda de secuenciación (Tabla S2). Veintisiete fueron sometidas a captura de ADNmt para mejorar la resolución de sus resultados. De estas 27, no se obtuvieron resultados en cinco (5) de ellas. En dos (2) no se logró aumentar más de 1,5X sus profundidades de cobertura, lo cual no cumple con el mínimo requerido de 3X establecido *a priori* en la presente tesis para garantizar la correcta asignación de variantes alélicas a los respectivos haplotipos mitocondriales. Las restantes muestras mostraron una mejora considerable en cuanto a profundidad de secuenciación implementando el método de captura de ADNmt (Tabla S2). Los resultados de las diferentes corridas de secuenciación fueron unidos bioinformáticamente para cada muestra mediante la herramienta samtools v.0.1.18 (Tabla S2).

En resumen, de la totalidad de muestras procesadas y secuenciadas (N = 50), se obtuvieron buenos resultados en 33 (eficiencia 33/50 = 66%; Tabla S3). Las muestras que no presentaron buenos resultados correspondieron tanto a dientes como huesos de diferentes tipos y presentaron temporalidades diferentes, por lo que no es posible afirmar ninguna tendencia de estas variables con relación a la recuperación de material genético endógeno. Si bien se ha reportado que algunos tipos de sustratos como los huesos densos (fémur o tibia) o el hueso temporal, son mejores que otros en términos de preservación de ADN (Hansen et al., 2017; Pinhasi et al., 2015), las condiciones ambientales en general y, en particular la temperatura, son el factor fundamental para la preservación e integridad del ADN (Hofreiter et al., 2015). En el caso particular del Noreste de la provincia del Chubut, si bien las condiciones de temperatura y humedad son óptimas para la preservación del material arqueológico, otros factores como los fuertes vientos y las lluvias dejan al descubierto enterratorios, acelerando la meteorización de los restos y propiciando alteraciones antrópicas en los sitios. Asimismo, son frecuentes los hallazgos fortuitos debido a la urbanización de la zona lo cual, también modifica el estado de preservación de los restos arqueológicos (Gómez Otero, 2012).

Los resultados para la totalidad de las muestras y sus diferentes corridas de secuenciación se detallan en la Tabla S2.

7.2 Validación de ADN antiguo

Validación del ADN antiguo: longitud de fragmentos

Mediante el programa ATLAS (Kieser et al., 2020), se obtuvieron longitudes de fragmentos esperados para ADN en la totalidad de las muestras secuenciadas (entre 60 y 150 pares de bases - pb) (Peyrégne & Prüfer, 2020) (Tabla S2). La frecuencia de distribución de la longitud

de los fragmentos se obtuvo mediante el programa MapDamage v2.0 (Jónsson et al., 2013) (véase Figura 6 del capítulo 4).

Los métodos de extracción implementados mostraron eficiencias de recuperación diferentes en cuanto a la longitud de los fragmentos. Mientras el método de extracción desarrollado por Rohlan & Hofreiter (2007) recuperó fragmentos de entre 60,83 y 105,82 pb con un promedio de 85,3 pb; el método de Dabney et al. (2013) recuperó fragmentos más cortos, con un mínimo de 62,18 y un máximo de 90,93 pb siendo el promedio 77,05 pb de longitud. Esta observación fue corroborada comparando la longitud de los fragmentos recuperados de muestras secuenciadas por ambos métodos de extracción (A05, C17 y D26; Tabla S2). Los largos de fragmentos para estas muestras y sus respectivos métodos de extracción se detallan en los gráficos de longitud del Apéndice N. Bajo estas observaciones, por lo tanto, podríamos decir que ambos métodos son complementarios y se recomienda su utilización conjunta para recuperar la totalidad de fragmentos de ADN de una muestra.

Validación del ADN antiguo: patrones de daño

Debido a su alta susceptibilidad a la contaminación con fuentes externas (ADN moderno proveniente de la manipulación de los restos durante el trabajo arqueológico y de laboratorio), además de los recaudos especificados en el capítulo 6 referidos al tratamiento y manipulación de material arqueológico, el ADN recuperado de las muestras estudiadas requiere de estricta validación. La identificación de transiciones Citosina (C) por Timinas (T) incrementadas en el extremo 5' del fragmento secuenciado, y el resultante aumento de sustituciones de Guaninas (G) por Adeninas (A) en el extremo 3' causado por la actividad enzimática reparadora, es considerado el estándar de excelencia en la autenticación del material genético antiguo (Skoglund et al., 2014). Estos patrones de daño característicos fueron validados a través del programa MapDamage v2.0 (Jónsson et al., 2013) para cada muestra, tanto para ADN nuclear como para ADNmt. Un ejemplo de este patrón se muestra en la Figura 7 del capítulo 4.

De la totalidad de muestras analizadas (N=50) se obtuvieron gráficos de patrones de daño en 40 de ellas (Apéndice Ñ).

Validación del ADN antiguo: estimación de contaminación

El grado de contaminación del ADNmt fue estimado para cada muestra mediante el programa *schmutzi* desarrollado por Renaud et al. (2015).

La contaminación estimada varió entre 1 y 3% para la mayoría de las muestras (Tabla S2). Aquellas muestras para las cuales, debido a su bajo contenido de fragmentos de ADN, no

pudo estimarse el grado de contaminación y cuyos patrones de desaminación no mostraron el daño esperado para ADN_a, fueron eliminadas de los análisis subsiguientes (muestras: C19, C20, D27, E42, E43, F50, G60).

Las muestras que pasaron los estándares de verificación (N=33) se especifican en la Tabla S3 junto a sus respectivos valores de contaminación promedio.

ADN endógeno, cobertura horizontal y vertical

La Tabla S3 presenta los porcentajes de recuperación de ADN endógeno nuclear y mitocondrial para aquellas muestras que pasaron los estándares de verificación una vez unidas sus diferentes corridas de secuenciación y sometidas a filtros de calidad y eliminación de duplicados producto de artificios de PCR (para más detalle véase el capítulo 6). El ADN endógeno varió entre 0,05 y 68,3% con un promedio de 15% para el ADN nuclear (Tabla S3) y entre 0,01 y 0,58% con un promedio de 0.1% para el ADN_{mt} (Tabla S3). Estos resultados son consistentes con un buen estado de preservación de las muestras arqueológicas.

No se observó una tendencia en la recuperación de ADN endógeno nuclear por secuenciación *shotgun* según el tipo de material procesado en aquellas muestras que arrojaron buenos resultados (N=33), ni según la datación de las mismas (Figura 12; Tabla S3). El mayor porcentaje de ADN endógeno nuclear fue recuperado de la muestra C17 correspondiente a la parte petrosa de un hueso temporal (68% de recuperación; Tabla S3; Figura 12). Otros dos huesos temporales procesados, mostraron también un grado alto de preservación de ADN (muestras F51 y D26 – 25,6 y 10,9%, respectivamente). La buena preservación de material genético en la porción petrosa del hueso temporal ha sido ya reportada en la bibliografía (Hansen et al., 2017; Pinhasi et al., 2015) y, si bien métodos de muestreo menos invasivos se han establecido para este hueso (Sirak et al., 2017), es importante mencionar que su uso ha sido criticado en la literatura reciente (véase p.ej. Prendergast & Sawchuk, 2018) y que se ha recomendado evitar su destrucción debido a su valor informativo en estudios de procesos microevolutivos a partir de análisis morfométricos (Smith, 2011). Por lo tanto, y viendo que también es posible recuperar cantidad significativa de ADN_a a partir de otros tipos de sustratos (Figura 12), se recomienda no procesar este hueso.

La profundidad de secuenciación, también llamada cobertura vertical (X), fue estimada mediante el programa ATLAS (Kieser et al., 2020). Se recuperaron profundidades que van desde 1,5X a 173,1X para ADN_{mt} (Tabla S2 y S3). Como fue especificado en la sección de metodología, se estableció como criterio un mínimo requerido de 3X para la correcta asignación de variantes alélicas en la definición de nuevos linajes mitocondriales. Para las

posiciones nodales esperadas, el criterio fue un poco más permisivo en casos donde la cobertura (X) no llegaba a ser 3X. Así, por ejemplo, el individuo A06 fue asignado como C1b aunque la mutación G11914A!, una de las nodales del clado C, se encontrara en 1/1 X de cobertura. Mediante las diferentes corridas de secuenciación y captura de ADNmt fue posible secuenciar entre 15807 y 16569pb del ADNmt, conocido como cobertura horizontal (Tabla S2 y S3).

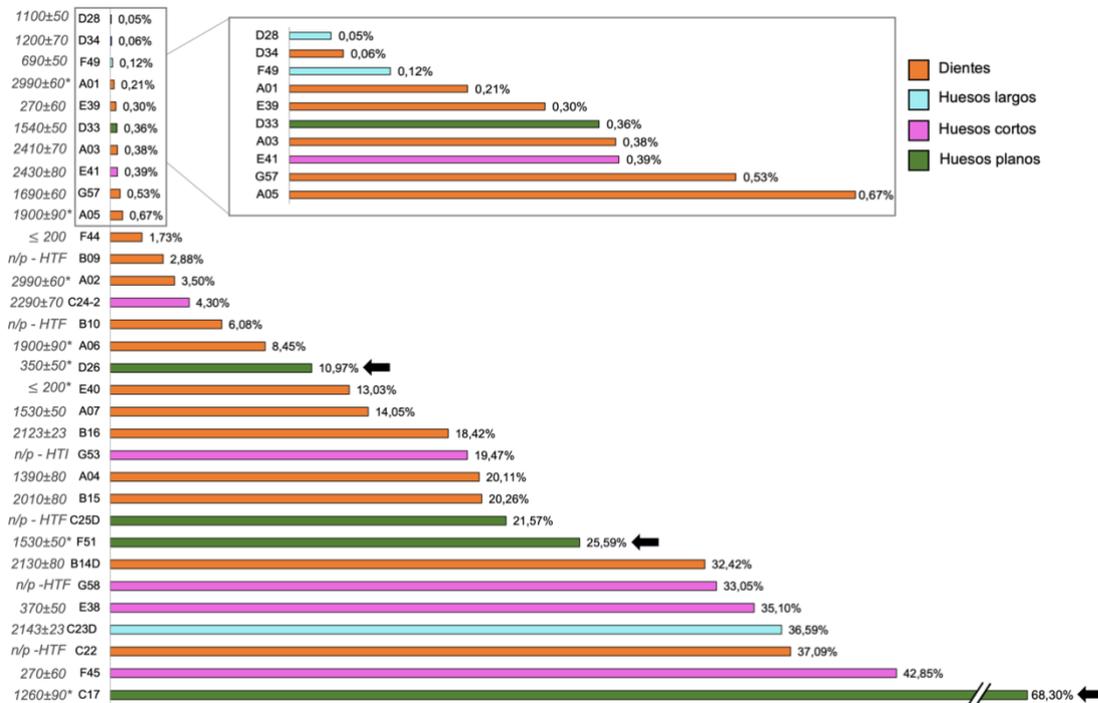


Figura 12: Porcentaje de ADN nuclear endógeno (%) recuperados para las muestras que pasaron los estándares de verificación establecidos para ADN antiguo y que fueron sometidas a secuenciación shotgun (N=32). La librería G61c fue capturada por mitocondrial directamente por lo que no se presenta en esta figura. Los datos aquí mostrados corresponden al mejor resultado obtenido por secuenciación shotgun para cada una de las muestras. La datación en años radiocarbónicos (^{14}C AP) se incluye en la columna del margen izquierdo: n/p: dato no publicado; HTF: Holoceno Tardío Final (desde 1900 a 200 años AP); HTI: Holoceno Tardío Inicial (desde los 3900 a los 2000 años AP). Con un asterisco (*) se indica las dataciones asociadas, no realizadas directamente sobre el individuo muestreado. Las flechas negras indican los huesos temporales mencionados en el texto.

7.3 Abordaje de los objetivos e hipótesis: nivel interregional

Haplogrupos y linajes

Se obtuvieron resultados validados según los criterios anteriormente mencionados para un total de 33 individuos analizados en el marco de esta tesis doctoral. Veinte de estos

corresponden al HTF, 10 al HTI, dos (2) al periodo comprendido entre los 200 años AP y el presente (conocido como período post-contacto) y una (1) sin especificar. La mayoría de estas muestras cuentan con datación directa publicada (N = 17) mientras que a siete (7) muestras se las asocian con dataciones indirectas de contexto. En ocho (8) se define un rango temporal por tratarse de fechados directos sin publicar y una (1) no cuenta con datación (Tabla S3).

A estas muestras se le suman los resultados del trabajo de Parolin et al. (en preparación) procesadas en *Bustamante Lab* de la Universidad de Stanford (Estados Unidos) en el año 2016 y cuyos permisos y metodologías serán reportados apropiadamente en su trabajo. En cuanto a rangos temporales, la muestra poblacional asciende a 31 muestras del HTF, 13 al HTI, dos (2) al post-contacto y una (1) al Holoceno medio (HM) (Tabla 3) según la división adoptada por Gómez Otero & Svoboda (2022) y especificada en el capítulo 6 de la presente tesis. Para más especificación ver Tabla S3.

Contabilizando las muestras ya mencionadas de Parolin et al. (en preparación), se identificaron un total de 40 haplotipos diferentes en los 48 individuos analizados. Los haplogrupos y sub-haplogrupos mitocondriales fueron asignados usando Phylotree build 17 (van Oven, 2015) y Haplogrep 2 (Weissensteiner et al., 2016) y reclasificados en base a literatura pertinente (Tabla 3), acorde a lo mencionado en el capítulo 6. Dieciocho de estos haplotipos, fueron asignados al clado D1 (45%), ocho (8) al C1b (20%), ocho (8) al B2 (20%) y seis (6) al C1c (15%). No se detectó la presencia de los clados A2 ni D1j en los individuos estudiados.

Tabla 3: Individuos analizados que pasaron los estándares de verificación para ADN antiguo incluidos los analizados en Parolin et al. (en preparación). Se presentan los datos asociados y la asignación al clado de ADN mitocondrial (ADNmt) estimada. Para más detalles de contexto ver Tabla S1 y S3.

Clado ADNmt	ID Lab ‡	ID arqueológico	Microrregión	Datación 14C AP†	Rango temporal	Clado ADNmt
B2	F51	CNP ABI 078-2	PV	1530 ± 50*	HT. final	B2ak1
	AEH148	CNP ABI 022	Transición	1400 ± 60	HT. final	B2ak1b1
	AEH153	CNP ABI 016	PV	880 ± 50*	HT. final	B2ak1b1
	C22	CNP ABI 021-S36	VIRCH	500-1000	HT. final	B2ak1b2
	G58m	CNP ABI 080	VIRCH	>1000 (n/p)	HT. final	B2ak1b1
	AEH142	CNP ABI 043	Transición	2640 ± 50	HT. inicial	B2ak1a
	G57cm	CNP ABI PF_14	VIRCH	1690 ± 60	HT. final	B2b15
AEH146	CNP ABI 026	VIRCH	1400 ± 60	HT. final	B2b16a	
C1	B09cm	CNP ABI 021-S1	VIRCH	500-1000 (n/p)	HT. final	C1b35
	G53cm	CNP ABI 033	VIRCH	>1000 (n/p)	HT. inicial	C1b35
	AEH141	CNP ABI 047	VIRCH	6070 ± 80	HM	C1b35
	AEH150	CNP ABI 037	VIRCH	1090 ± 70	HT. final	C1b35
	D28c	CNP ABI PF_19	Meseta	1100 ± 50	HT. final	C1b35
	A04cm	CNP ABI 061	VIRCH	1390 ± 80	HT. final	C1b32
	A06m	CNP ABI 060-A2	VIRCH	1900 ± 90*	HT. final	C1b32
	D34cm	CNP ABI 046	PV	1200 ± 70	HT. final	C1b33
	E41c	CNP ABI 076	Transición	2430 ± 80	HT. inicial	C1c11g
	AEH143	CNP ABI 018	Transición	2410 ± 50	HT. inicial	C1c11g1
	C24-2cm	CNP ABI FB-04	SEP	2290 ± 70	HT. inicial	C1c11g1a
	B14Dm	CNP ABI FB-01	SEP	2200 ± 80	HT. inicial	C1c11
	B15m	CNP ABI FB-03	SEP	2070 ± 80	HT. inicial	C1c11
	AEH144	CNP ABI 032	PV	2010 ± 50	HT. inicial	C1c11i
	D33cm	CNP ABI 014	Transición	1540 ± 50	HT. final	C1c11i
D1	G61c	CNP ABI 090 A1	PV	s/d	s/d	D1g
	A01cm	CNP ABI 070-A1	Transición	2990 ± 60*	HT. inicial	D1g
	A02cm	CNP ABI 070-A2	Transición	2990 ± 60*	HT. inicial	D1g
	A03m	CNP ABI PF_21	PV	2410 ± 70	HT. inicial	D1g
	E39cm	CNP ABI 019-3	VIRCH	270 ± 60	HT. final	D1g5a
	F45m	CNP ABI 019-8	VIRCH	270 ± 60	HT. final	D1g5
	AEH159	CNP ABI 039-1	VIRCH	310 ± 70	HT. final	D1g5
	AEH158	CNP ABI 006	Meseta	350 ± 50	HT. final	D1g5
	C23D	CNP ABI FB-02	SEP	2143 ± 23	HT. inicial	D1g5
	E38cm	CNP ABI 050	Transición	370 ± 50	HT. final	D1g5a2
	D26cm	CNP ABI 007	Meseta	350 ± 50*	HT. final	D1g5a2a
	AEH154	CNP ABI 001-2	Transición	770 ± 50	HT. final	D1g5a2a
	F44cm	CNP ABI 019-1	VIRCH	≤200	Post-cont	D1g5a2a1
	F49cm	CNP ABI 072	VIRCH	690 ± 50	HT. final	D1g5a2a1
	AEH156	CNP ABI 013	Transición	550 ± 60	HT. final	D1g5a2a1
	A07m	CNP ABI 078-1	PV	1530 ± 50	HT. final	D1g5a1
	B10m	CNP ABI 021-S2	VIRCH	500-1000 (n/p)	HT. final	D1g5a1a
	E40cm	CNP ABI 019-2	VIRCH	≤200*	Post-cont	D1g5a1a
	AEH152	CNP ABI 015	PV	880 ± 50	HT. final	D1g5a1a
	AEH151	CNP ABI 002	Transición	1050 ± 50	HT. final	D1g5
	B16cm	CNP ABI FB-05	SEP	2123 ± 23	HT. inicial	D1g5b
	A05cm	CNP ABI 060-A1	VIRCH	1900 ± 90*	HT. final	D1u
	AEH145	CNP ABI 020	VIRCH	1990 ± 60	HT. final	D1g7
	C17m	CNP ABI 021-S8	VIRCH	500-1000 (n/p)	HT. final	D1g7a
	C25Dm	CNP ABI 021-S31+5	VIRCH	500-1000 (n/p)	HT. final	D1g7a

‡: Los ID Lab con código AEH# corresponden a individuos procesados y analizados por Parolin et al. (en preparación). †: Los rangos y temporalidades de las dataciones no publicadas (n/p) corresponden a comunicación personal con la Dra. Anahí Benegas y la Lic. Soledad Caracotche. Para las referencias de las dataciones ver Tabla S1. Los rangos temporales fueron establecidos siguiendo el criterio de Gómez Otero y Svoboda (2022) como HM: Holoceno medio (7400-4000 años AP); HT: Holoceno tardío: inicial (3900-2000 años AP) y final (1900-200 años AP); Post-contacto (<200 años AP). PV: Península Valdés; VIRCH: valle inferior del río Chubut; SEP: Sureste de la provincia del Chubut. s/d: sin datación. El asterisco (*) corresponde a dataciones indirectas.

Estimación filogenética: comparación interregional

Se construyeron redes de haplotipos para los clados B2, C1b, C1c y D1g en base a mitogenomas de individuos publicados en la literatura provenientes de Chile y de la región central de Argentina (incluyendo la región pampeana), así como de las sub-regiones Patagonia norte, sur e insular, incorporando, además, muestras de individuos de otras regiones y países necesarias para la topografía final de los árboles filogenéticos según lo observado en los recientes trabajos de García et al. (2021) y Motti et al. (2023). Las delimitaciones regionales se especifican en la Figura 1 y aclaraciones pertinentes fueron desarrolladas en la sección de marco teórico y metodología de la presente tesis (véase capítulos 2 y 4). Los mitogenomas de los individuos publicados en Nakatsuka et al. (2020) fueron extraídos del genoma completo publicado en el *European Nucleotide Archive* (ENA) y procesados bioinformáticamente de la misma forma que las muestras de los individuos de la presente tesis.

Luego de varias pruebas, se llegó a la conformación final de cada red de haplotipos y a su respectivo árbol filogenético (Figuras 13-16). Las muestras incluidas en las redes se especifican en la Tabla S4 y sus gráficos están disponibles en el Apéndice O. Tal como fue especificado en el capítulo 6, para aquellos trabajos disponibles en la bibliografía cuya resolución de análisis contemplaba las regiones HVI, HVII o Región Control, se realizó una búsqueda manual de las posiciones diagnósticas y otras de interés para los resultados aquí presentados. Se aclara que las posiciones mutadas respecto del genoma mitocondrial humano de referencia (rCRS), serán detalladas anteponiendo la base de referencia a la posición y especificando la base mutada al final de esta. Es decir, por ejemplo, A13263G refiere a la mutación del alelo de referencia A por el alelo G en la posición 13263.

Los árboles filogenéticos de los haplotipos mitocondriales fueron reducidos a las ramas de interés discutidas a continuación en el texto.

Haplogrupo B2

El haplogrupo B2 fue encontrado en ocho (8) de los 48 individuos analizados (20%). Cuatro (4) de los cuales corresponden a la presente tesis mientras que otros cuatro (4) individuos fueron tomados de Parolin et al. (en preparación). Las muestras corresponden a individuos recuperados de sitios arqueológicos de la costa norte de Patagonia central que fueron fechadas entre 880 ± 50 y 2640 ± 50 años AP (Tabla S3). La red de haplotipos para este clado fue construida a partir de 40 mitogenomas y 35 haplotipos diferentes obtenidos de individuos antiguos y contemporáneos disponibles en la bibliografía publicada y bases de datos (Tabla

S4; Apéndice O). La Figura 13 muestra el árbol filogenético acotado a las ramas de los subhaplogrupos de interés para la presente tesis.

Los estudios llevados a cabo en poblaciones contemporáneas de Patagonia continental y Tierra del Fuego muestran un decrecimiento en la frecuencia de B2 de norte a sur con ausencia del mismo en poblaciones del extremo más austral del continente, como Selk'nam y Aonikenk (Lalueza-Fox et al., 1997) y Yámana y Kawesqar (de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012). Esto llevó, inicialmente, a hipotetizar una migración original portadora solo de los clados C y D (Lalueza-Fox et al., 1997) o la desaparición en poblaciones ancestrales de B2 por deriva génica (Moraga et al., 2000). Sin embargo, los recientes hallazgos de B2 en relativa alta frecuencia para poblaciones antiguas, principalmente en Patagonia sur (provincia de Santa Cruz) (Arencibia et al., 2019; Franco et al., 2017; Moraga et al., 2016), ha llevado a repensar los escenarios plausibles para este clado, sugiriendo que su baja frecuencia en poblaciones ancestrales podía deberse, en realidad, a un sesgo muestral y no al efecto de la deriva génica, algo que se hipotetiza, podría haber sucedido en las poblaciones de Patagonia insular (Arencibia et al., 2019).

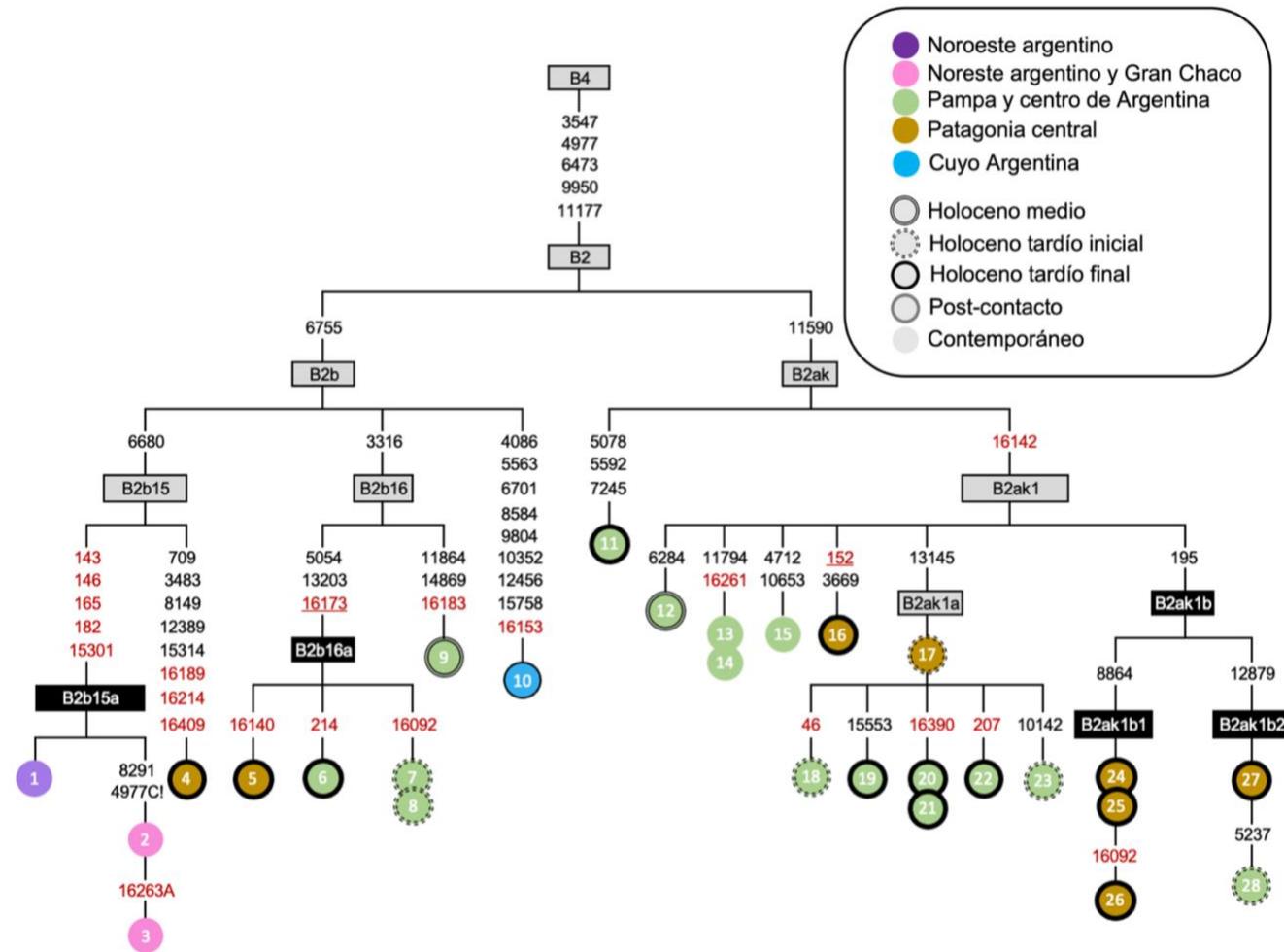


Figura 13: Árbol filogenético reconstruido a partir de 40 mitogenomas y acotado a las ramas internas B2b y B2ak. Los números en círculos corresponden a mitogenomas de individuos discutidos en el texto y especificados en Tabla S4. Las mutaciones corresponden a transiciones a no ser que se especifique lo contrario. En color bordó se presentan las mutaciones de la Región Control del ADNmt. Subrayado se indican las posiciones recurrentes. Los rectángulos con fondo negro corresponden a nuevas definiciones de clados. Rangos temporales en años 14C AP: Holoceno medio: 7400-4000; Holoceno tardío inicial: 3990-2000; Holoceno tardío final: 1990-200; post-contacto: <200. Para más especificaciones ver Tabla S4.

Hasta la escritura de esta tesis, en poblaciones antiguas de Patagonia, el clado B2 ha sido reportado en Patagonia central en cuatro (4) individuos por Parolin et al. (2017) (muestras incluidas en la presente tesis); en un (1) individuo localizado en el sitio Baño Nuevo 1 (suroeste de Chubut) por Reyes et al. (2012); en cinco (5) individuos de la provincia de Santa Cruz (Patagonia sur; sitio Lago Salitroso) por Arencibia et al. (2019); y en 11 individuos de los sitios Río Bote y Oreja de Burro al sudoeste de la misma provincia por Moraga et al. (2016) y Franco et al. (2017). En la aquí delimitada Patagonia sur (Figura 1), Moreno Mayer et al. (2018) reportaron la presencia de este haplogrupo en un individuo del sitio Cueva Ayayema ubicado en la región central del archipiélago de Chile (Región Magallanes). Un reciente trabajo basado en el análisis de las regiones HVI y HVII¹⁸ mitocondrial reportó el hallazgo de un individuo asignado al sub-haplogrupo B2b en el sitio Bahía Buena localizado en el Estrecho de Magallanes (individuo 70452) (Balentine et al., 2022). Fechado en 6679-6895 años *cal AP*, este individuo constituye el registro más antiguo y austral del haplogrupo B2 hallado hasta el momento para la transición Patagonia sur/Patagonia Insular, con datación semejante a la reportada en la región pampeana por Posth et al. (2018) y Roca-Rada et al. (2021) (fechado: 6080 ± 150 años AP; sitio Laguna Chica). Sin embargo, cabe aclarar que el rango analizado por Balentine et al. (2022) abarca solo las posiciones 16190 a 16355 y que, además, solamente fueron reportadas las mutaciones T16217C y T16330A. Con esta información no es posible llegar a la asignación B2b informada por los autores por lo que se estima que su asignación es apresurada y/o dudosa.

En cuanto a los fechados, para la costa norte de Patagonia central, estos fueron estimados entre 2640 ± 50 a 880 ± 50 años AP (Parolin et al., en preparación). En Patagonia sur, se estimaron entre los 3800 y 3600 años AP para los individuos reportados por Moraga et al. (2016) y Franco et al. (2017) al suroeste de Santa Cruz y resultan ser más tempranos respecto de los reportados en el centro-oeste de la misma provincia por Arencibia et al. (2019) (entre 690 ± 40 y 352 ± 40 años AP), demostrando una continuidad del linaje de al menos 3000 años AP.

En un trabajo de compilación, para la región central del país, Nores et al. (2022) comunicaron el clado B2 en nueve (9) individuos de la provincia de Córdoba, datados entre 4450 ± 80 y 420 ± 41 años AP (Tabla S4). Muchos de los individuos reportados por estos autores fueron previamente analizados por mitogenoma completo en el trabajo de García et al. (2021). En este trabajo, García et al. (2021) identificaron nuevos sub-haplogrupos que, estos

¹⁸ Balentine et al. (2022) también analizaron segmentos adicionales según el requerimiento necesario para la identificación de algunos sub-haplogrupos (ver su trabajo para mayor información).

investigadores consideraron locales del centro de Argentina, entre ellos B2ak y B2b2 discutidos a continuación.

Sub-haplogrupo B2ak

Debido a la alta frecuencia y diversidad del sub-haplogrupo B2ak y su rama interna B2ak1 definidos por las posiciones A11590G y C16142T, respectivamente, García et al. (2021) proponen un origen en el centro y centro-oeste de Argentina de gran profundidad temporal y con posterior distribución hacia el noroeste argentino (NOA) y Chile. Esto explicaría, según los autores, la presencia de un linaje B2ak1 con datación más reciente (~1300 años AP) en la provincia de Salta (Carnese et al., 2010 en Nores et al., 2022). Recientemente, Motti et al. (2023), adhiriendo al origen local y posterior dispersión propuesta por García et al. (2021), hallaron B2ak1 en dos (2) individuos del sitio El Guanaco 1 ubicado en la costa sur de la provincia de Buenos Aires (región pampeana) asignados al HTI (2280 ± 30 ; Tabla S4), demostrando la conexión entre el centro del país y la región pampeana delimitada por los autores.

El análisis de los resultados aquí presentados, muestra un patrón más complejo con nuevas ramas internas. En el caso del sub-haplogrupo B2ak1a, la red construida demuestra que el haplotipo del individuo AEH142 de la costa norte de Patagonia central es nodal o ancestral para este sub-haplogrupo (Figura 13; #17). Oportunamente, la profundidad temporal de este individuo, fechado en 2640 ± 50 años AP, resulta ser más antigua que las reportadas para el centro del país (rango entre 533 ± 42 y 2156 ± 86 años AP). Una nueva rama interna es definida aquí como B2ak1b y soportado por cuatro (4) individuos de la costa norte de la provincia del Chubut y un (1) individuo del sur de Buenos Aires (Motti et al., 2023). Esta rama interna contiene a su vez dos clados nombrados como B2ak1b1 y B2ak1b2 (Figura 13, Tabla S4). Los tiempos de coalescencia calculados mediante BEAST para estos nuevos clados fueron estimados en 3591,38 años AP (2576,14; 4768,81) para B2ak1b y en 2098,56 (1400,04; 2968,66) y 2679,2 (2400; 3227,18) para B2ak1b1 y B2ak1b2, respectivamente (Apéndice P).

Los fechados de los individuos asignados a B2ak1, apoyan la hipótesis inicial de García et al. (2021) respecto del origen en el centro del país para este clado (Tabla S4) siendo el individuo #199 fechado en 4450 ± 80 años AP, el individuo más antiguo hasta el momento encontrado para este sub-haplogrupo (Figura 13 #12). Sin embargo, los hallazgos aquí reportados permiten inferir un patrón de diversidad más complejo que resulta, seguramente, de los contactos entre poblaciones ancestrales de ambas regiones aquí delimitadas.

Por su parte, en poblaciones contemporáneas, la variante diagnóstica C16142T de B2ak1, ha sido reportada en diferentes regiones de Chile (de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012; Gómez-Carballa et al., 2016). Sin embargo, ninguno de estos individuos contiene, además, algunas de las posiciones comprendidas en la Región Control observadas para los individuos aquí analizados (léase posiciones 16261, 16092, 16390, 46 y 207). Asimismo, debido a que la resolución de la mayoría de los estudios en poblaciones contemporáneas no involucra la región codificante del ADNmt, no fue posible corroborar la presencia de A11590G diagnóstica de B2ak en los individuos de estos estudios.

A diferencia del trabajo de García et al. (2021), la transición diagnóstica de B2ak1 no ha sido reportada en las poblaciones patagónicas actuales. En la ciudad de Trelew ubicada en el VIRCH (Chubut, Argentina), B2 (27,1%) fue hallado con predominancia del sub-haplogrupo B2i2 (38.5%) (Tamburrini et al., 2021). Los recientes hallazgos en estudios de ADN_a, incluidos los aquí presentados, hasta el momento y con la salvedad de que muchos no alcanzan la resolución necesaria para su determinación, no han reportado el sub-haplogrupo B2i2 en poblaciones antiguas. Esto apoya la hipótesis sobre un origen tardío del clado, al menos en lo que respecta a la Patagonia central y al centro de Argentina (de Saint Pierre, Gandini, et al., 2012). No obstante, no puede descartarse que su ausencia en tiempos más tempranos sea debido a un sesgo muestral.

Sub-haplogrupo B2b

Otro de los clados que merece discusión en el marco de los hallazgos producidos en esta tesis, es el sub-haplogrupo B2b definido por la transición G6755A. El mismo se encuentra distribuido en poblaciones contemporáneas de Norte- y Sud- América con alta frecuencia en la región andina, principalmente en Perú (Gómez-Carballa et al., 2018). Este linaje parecería haberse originado en el norte de Mesoamérica hace aproximadamente 16.600 años AP (rango 15.600-17.500 años AP) (Brandini et al., 2017) con una posterior diversificación y distribución tanto por costa pacífica como atlántica (Gómez-Carballa et al., 2018). Roca-Rada et al. (2021) reportan la presencia de un haplotipo B2b ancestral a la diversificación de los clados B2b3 y B2b14 en un individuo del sitio Laguna Chica (Buenos Aires, región Pampeana) datado en 6080 ± 15 años AP. Por su parte y en base al análisis de poblaciones antiguas y contemporáneas, García et al. (2021) reportan nuevos sub-haplogrupos locales de B2b y modificaciones a las definiciones propuestas por otros autores.

Sobre el análisis de los individuos de la presente tesis, algunas modificaciones fueron realizadas en el árbol presentado por García et al. (2021) para B2b (Figura 13). La incorporación del individuo G57, fechado en 1690 ± 60 años AP, reconfigura la definición de

B2b15 definido ahora por una transición en la posición T6680C y soportado por los individuos VA41 de Santiago del Estero y KP172340 y KP172324 de la provincia de Chaco (García et al., 2021) (Figura 13 #1-3). Asimismo, un nuevo sub-haplogrupo es definido por la transición G3316A y es nombrado como B2b16 en Motti et al. (2023). También el individuo A460 de Magallanes (sitio Cueva Ayayema, Chile) publicado por Moreno Mayer et al. (2018) y datado en 4520 ± 30 años AP presentó la posición diagnóstica G6755A de B2b. Si bien este individuo no fue incluido en las redes de haplotipos por presentar posiciones no secuenciadas (comúnmente conocidas como “gaps”), su haplotipo fue analizado manualmente, no hallándose otra variante compartida con los individuos aquí presentados, lo que hace suponer que es un haplotipo ancestral a la diversificación de las ramas internas de B2b. Los fechados de los individuos incluidos en el sub-haplogrupo B2b16 (Figura 13; Tabla S4), lleva a suponer que su origen en la región se dio en tiempos tempranos. El tiempo de coalescencia para este sub-haplogrupo fue estimado en ~ 10000 años (7760,63; 12200,10) por Motti et al. (2023), consistente con el rango estimado en la presente tesis 7557,29 (6406,55; 8747,59) (Apéndice P).

Si bien las posiciones 6680 y 3316 no han sido analizadas por la mayoría de los trabajos publicados para la región patagónica, algunas inferencias pueden hacerse a partir de la Región Control. La variante T16140C, encontrada en el individuo AEH146 de Parolin et al. (en preparación), ha sido reportada en diferentes regiones chilenas por Gómez-Carballa et al. (2016), siendo por lo tanto una mutación recurrente dentro de B2. El individuo Huilliche036 publicado por Yang et al. (2010) presentó además la variante C16173T, también hallada en el individuo antiguo AEH146 por Parolin et al. (en preparación). Esta última variante fue también reportada en el individuo contemporáneo 02-0297 de la II Región Antofagasta, Chuquicamata (Chile) pero sin la co-ocurrencia de T16140C (Gómez-Carballa et al., 2016). La variante C16214T hallada en el individuo G57 (Figura 13 #4) fue reportada previamente en el individuo 02-0242 de Gómez-Carballa et al. (2016).

Los hallazgos aquí presentados, junto con los ya publicados por colegas, demuestran la presencia del clado B2 en poblaciones antiguas de latitudes altas y una diversidad interna mayor a lo pensado en base a estudios de poblaciones patagónicas contemporáneas. Tal como menciona Brandini et al. (2017) B2b resulta ser informativo a la hora de pensar la dispersión de este linaje por Sudamérica. Según la propuesta de estos autores, el linaje habría divergido en el norte de Sudamérica generando variantes por ambas vertientes, tanto la pacífica como la atlántica. Esto invita a repensar la historia del clado B2 de forma local. Para las regiones pampena y patagónica, parecería haber ciertos clados locales no hallados hasta el momento en áreas más australes. Sin embargo, esto puede deberse a un sesgo muestral

y metodológico de la Patagonia sur, aquí delimitada por los paralelos 46° y 52° S (Figura 1). Asimismo, el trabajo aquí presentado, refuta la observación de Roca-Rada et al. (2021) respecto de la ausencia al Este del Cono Sur de Sudamérica de los clados B2b y C1c (discutido en su sección correspondiente), demostrando su relativa alta incidencia y profundidad temporal (Tabla S4).

Haplogrupo C1b

El haplogrupo C1b fue hallado en ocho (8) de los 48 individuos provenientes de Patagonia central (20%). Dos (2) de los cuales fueron tomados de Parolin et al. (en preparación). Los fechados van desde el HM para uno (1) de los individuos (6070 ± 80 años AP) hasta el HTI para los restantes (fechadas entre 1090 ± 70 y 1900 ± 90 años AP). Dos individuos no cuentan con fechado publicado por lo que solo fue posible asignarlos a los períodos delimitados por Gómez Otero & Svoboda (2022) como HTF y HTI (Tabla 3). Luego del filtrado de las muestras de interés para esta tesis, la red de haplotipos quedó constituida por 44 mitogenomas y 40 haplotipos diferentes obtenidos de individuos antiguos y modernos (Tabla S4; Apéndice O). El árbol filogenético acotado a las ramas de interés se presenta en la Figura 14.

Junto con D1g, el C1b es el haplogrupo más frecuente en poblaciones patagónicas contemporáneas con haplotipos compartidos a ambos lados de la cordillera y una alta predominancia del sub-haplogrupo C1b13 virtualmente restringido al Cono Sur (de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012; de Saint Pierre, Gandini, et al., 2012; Postillone, Martínez, et al., 2020; Tamburrini et al., 2021). Al igual que para el linaje D1, C1b ha mostrado una clina de frecuencias aumentando de norte a sur para la región Patagónica alcanzando altas frecuencias en poblaciones Yámana (38.1% de C1b y 9.5% de C1b13) (de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012). Los estudios realizados hasta el momento en poblaciones antiguas de la región patagónica han demostrado la alta incidencia del clado C1b y una restringida y baja frecuencia del sub-haplogrupo C1b13.

En poblaciones ancestrales de Patagonia Norte, tanto vertiente andina como costa atlántica (Río Negro) se ha reportado la incidencia de C1 en dos (2) individuos sin datar del Museo de la Patagonia de Bariloche y en un individuo de la localidad de San Antonio Oeste de la misma provincia fechado en 1588 ± 46 (Crespo, Favier Dubois, et al., 2017; Crespo, Russo, et al., 2017). En la provincia de Santa Cruz (Patagonia sur), Crespo, Russo et al. (2017) reportaron la presencia de C1 en dos individuos sin fechar, mientras que Arencibia et al. (2019) lo identificaron en tres (3) individuos del sitio Lago Salitroso (noroeste de Santa Cruz); dos (2) de los cuales fueron datados en 380 ± 40 y 539 ± 46 años AP. Debido a que en estos trabajos solo se analizó la región HVI, resulta difícil inferir si estos individuos pertenecen o no al

haplogrupo C1b o a alguna de sus variantes. En el trabajo de Arencibia et al. (2019), uno de los individuos presentó la variante C16266T, diagnóstica de C1b19b definido por García et al. (2021), mientras que los haplotipos de otros dos individuos – SAC 834 de Arencibia et al. (2019) y MB21 de Crespo, Russo et al. (2017) - presentaron además la transición A16171G, una de las variantes que definen el sub-haplogrupo nombrado en este trabajo como C1b35 (Figura 14).

En un trabajo posterior realizado en Patagonia sur, más precisamente en la costa norte de la provincia de Santa Cruz, Arencibia et al. (2022) identificaron dos (2) individuos C1b13 fechados en 2400 ± 50 y 1820 ± 60 años AP. En Patagonia Insular, tras el análisis de la Región Control, Motti et al. (2020) reportaron la presencia de C1b en diez (10) individuos del cementerio de la Misión Salesiana en Tierra del Fuego, uno (1) de los cuales fue asignado como C1b13. En Patagonia central, el único registro del clado C1b13 es el reportado por Moraga et al. (2022) en un individuo de la región de los Chonos. En lo que respecta al presente estudio, no se observó este sub-haplogrupo. Dado el número relativamente alto de individuos analizados en el Nordeste de la provincia del Chubut y a pesar del hallazgo de un individuo con este linaje en la costa pacífica, podría inferirse que su origen estaría restringido a latitudes más altas que las inicialmente interpretadas para este linaje (de Saint Pierre, Bravi et al., 2012; de Saint Pierre, Gandini et al., 2012). Si bien los recientes hallazgos de este sub-haplogrupo permiten inferir su presencia en la región patagónica con gran profundidad temporal y su continuidad hasta tiempos históricos, es necesario ampliar el número de individuos analizados para poder interpretar el origen y la dispersión de este clado.

Continuando con el extremo sur de la región patagónica, en la transición Patagonia sur/Patagonia Insular y en el extremo sur de Tierra del Fuego, en un trabajo reciente, Balentine et al. (2022) reportaron la presencia de C1b en 27 individuos fechados entre 1293 y 1376, y 510 y 561 *cal*/ AP (muchas de las cuales no cuentan con datación), mientras que para la región pampeana (centro-este de Argentina), C1b fue hallado en seis (6) individuos asignados al HM y en dos (2) del HT recuperados de la provincia de Buenos Aires (Motti et al., 2023; Roca-Rada et al., 2021) (Tabla S4). En la provincia de Córdoba, San Luis y Santiago del Estero García et al. (2021) reportaron la presencia del clado en siete (7) individuos antiguos de diferentes sitios arqueológicos y 18 contemporáneos, identificando nuevos clados locales y modificaciones a los ya definidos por otros autores. En este trabajo se proponen algunas modificaciones de las definiciones presentadas por estos autores (

Figura 14).

En líneas generales y acordando con la interpretación de Roca-Rada et al. (2021), se observaron haplotipos poco diversificados del clado basal para los individuos recolectados en las provincias de Buenos Aires y Córdoba (pampa y centro del país; Figura 1). El individuo ASO_S49 (#1) fechado en 7612 ± 53 años AP resultó ser basal a la rama C1b, mientras que otros individuos como LCH.E2-I1.2, ASO_B10_S17 y 68JM fechados en 7000 ± 80 , 5930 ± 15 y 2470 ± 60 respectivamente, solo se diferenciaron por un paso mutacional del haplotipo basal C1b (Figura 14 #2-4). Para los restantes tres individuos reportados por Roca-Rada et al. (2021), se determinó un nuevo sub-haplogrupo caracterizado por la transición A por G en la posición 11084 y nombrado tentativamente C1b36 (Figura 14) cuyo tiempo de coalescencia fue estimado en 8916,92 años AP (intervalo 8031,95; 9944,69). Esta variante diagnóstica fue también reportada en un individuo contemporáneo de Colombia (KY645592; Arias et al., 2018), no compartiendo ningún otro polimorfismo con los individuos aquí estudiados. Los individuos antiguos 121 y 126 de Córdoba (García et al., 2021) y 66JM de Buenos Aires (Motti et al., 2023), si bien también se los asigna al clado basal C1b, presentan mayor cantidad de pasos mutacionales, uno de ellos generando un nuevo sub-haplogrupo con un individuo de la costa norte de Patagonia central (D34; #18) nombrado aquí como C1b33 y cuyo tiempo de coalescencia estimado fue de 3021,45 años AP (intervalo 1575,73; 4704,51) (Figura 14, Apéndice P).

Es interesante notar la distribución particular de la diversidad del clado C1b el cual parecería presentar variantes características y restrictivas a las regiones geográficas aquí delimitadas. Mientras que para los individuos antiguos de la región pampeana se observan linajes poco diferenciados de la rama basal, para la región Patagonia central, la mayoría de los individuos se conglomeran bajo el sub-haplogrupo aquí nombrado como C1b35 (Figura 14; Apéndice P). Por su parte, la totalidad de los individuos de Patagonia insular reportados en los trabajos de Nakatsuka et al. (2020), Raghavan et al. (2015) y de la Fuente et al. (2018) se agrupan bajo el sub-haplogrupo C1b34. Los tiempos de coalescencia estimados para estos dos nuevos sub-haplogrupos fueron estimados en 7582,73 años AP (intervalo 6452,46; 8866,68) y 6013,04 (intervalo 4038,94; 8369,4), respectivamente sugiriendo un surgimiento relativamente anterior del clado C1b35 (Apéndice P).

Si bien Roca-Rada et al. (2021) proponen a la región pampeana (centro-este del país) como una posible fuente de diversidad genética a partir de la cual se habría originado el pool genético de los antiguos pobladores de Patagonia, la distribución aquí presentada y más allá del individuo basal ASO_S49, parecería indicar características particulares de cada región y/o sub-región respecto de los clados hallados, no necesariamente consistente con la hipótesis planteada por estos autores.

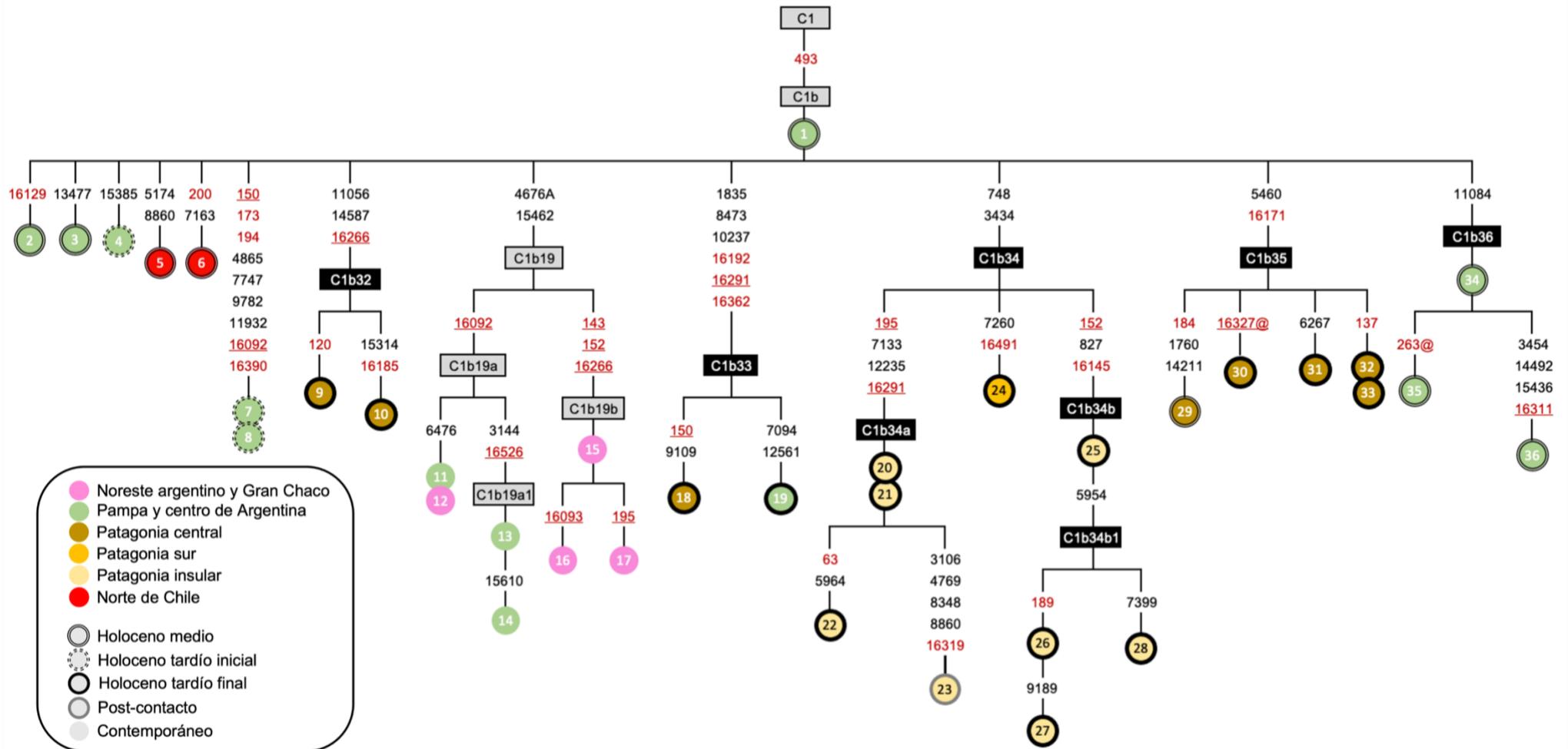


Figura 14: Árbol filogenético reconstruido a partir de 44 mitogenomas y acotado a las ramas de interés para esta tesis. Los números en círculos corresponden a mitogenomas de individuos discutidos en el texto y especificados en la Tabla S4. Las mutaciones corresponden a transiciones a no ser que se especifique lo contrario. En color bordó se presentan las mutaciones de la Región Control del ADNmt. Subrayado se indican las posiciones recurrentes. Los rectángulos con fondo negro corresponden a nuevas definiciones de clados. Rangos temporales en años 14C AP: Holoceno medio: 7400-4000; Holoceno tardío inicial: 3990-2000; Holoceno tardío final: 1990-200; post-contacto: <200. Para más especificaciones ver Tabla S4.

Haplogrupo C1c

La red de haplotipos para este haplogrupo fue construida a partir de 22 mitogenomas y 18 haplotipos diferentes obtenidos de individuos antiguos y contemporáneos disponibles en la bibliografía publicada y bases de datos (Tabla S4; Apéndice O). El árbol filogenético construido a partir de esta red se muestra en la Figura 15. En el marco de la presente tesis, el clado fue hallado en siete (7) de los 48 individuos analizados (14,6%). Cuatro (4) rescatados de la costa norte y tres (3) de la costa sur de la provincia del Chubut y fechados por datación directa entre 1540 ± 50 y 2430 ± 80 años AP. Dos (2) de los individuos corresponden a Parolin et al. (en preparación) (Tabla 3).

C1c es un clado ampliamente distribuido en América y debido a su amplia distribución a lo largo del continente y a los tiempos de coalescencia estimados, es considerado uno de los linajes pioneros en la migración hacia el sur de los Paleoamericanos (Achilli et al., 2008). Su presencia ha sido informada en muestras de América del Norte (Scheib et al., 2018), en Colombia (Arias et al., 2018), en Brasil (Avila et al., 2022), en Perú y Bolivia (Llamas et al., 2016) y en Chile (de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012; Gómez-Carballa et al., 2016). En poblaciones contemporáneas de Argentina ha sido reportado en poblaciones del centro y centro-oeste (Córdoba y San Luis), NOA (Santiago del Estero) y sur (Chubut) del país (García et al., 2018; Parolin, Toscanini, et al., 2019; Salas et al., 2008; Tamburrini et al., 2021).

Asimismo, los fechados reportados en el extremo más austral del continente sudamericano, ubicados en el Estrecho de Magallanes (sitio Punta Santa Ana 1, Chile) y en la región Norte del archipiélago de Tierra del Fuego, permiten suponer que el clado C1c habría alcanzado el extremo sur del continente en una fase relativamente temprana del poblamiento, tal como menciona Parolin, Galimany et al. (2019). Esto es consistente con las profundidades temporales estimadas para el clado C1c, algunas de las cuales han reportado edades cercanas a los 15.864 años AP (Achilli et al., 2008; Tamm et al., 2007). En un trabajo reciente y en base a 21 muestras en su mayoría del norte y sur de Norte América, García et al. (2021) estimaron el tiempo de coalescencia para este clado en 11.896 años AP (intervalo 10.138,08-13.796,05). En el presente estudio, la edad media estimada para el clado resultó ser unos 2000 años más tardía 9533,35 aunque con intervalo solapante a las edades reportadas por estos autores (8289,62-10.886,31; Apéndice P).

En el presente trabajo, se proponen nuevos sub-haplogrupos y algunas modificaciones a las definiciones establecidas por otros autores.

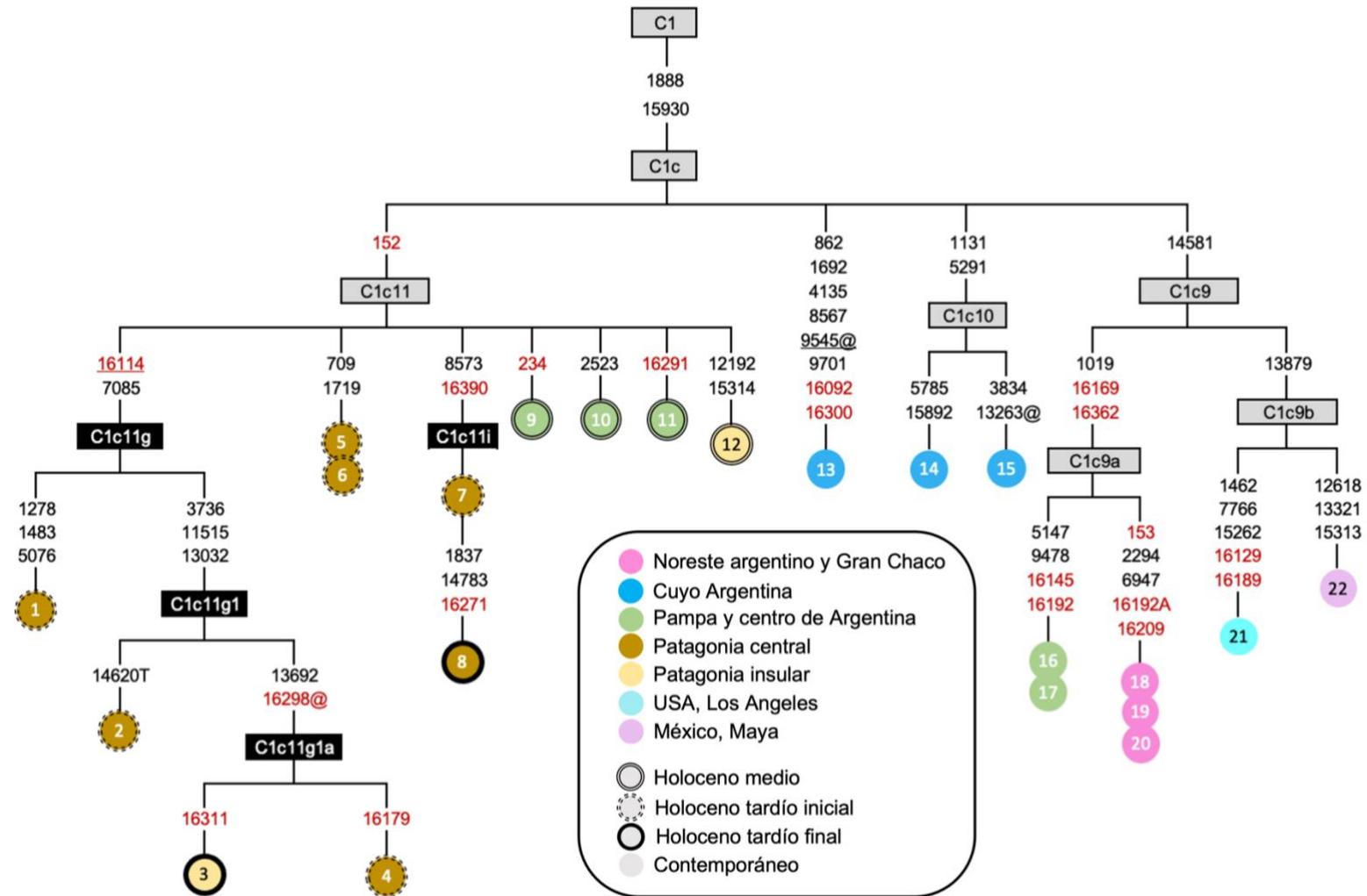


Figura 15: Árbol filogenético reconstruido a partir de 22 mitogenomas. Los números en círculos corresponden a mitogenomas de individuos discutidos en el texto y especificados en Tabla S4. Las mutaciones corresponden a transiciones a no ser que se especifique lo contrario. En color bordó se presentan las mutaciones de la Región Control del ADNmt. Subrayado se indican las posiciones recurrentes. Los rectángulos con fondo negro corresponden a nuevas definiciones de clados. Rangos temporales en años 14C AP: Holoceno medio: 7400-4000; Holoceno tardío inicial: 3990-2000; Holoceno tardío final: 1990-200. C1c11 definido por C. Bravi (*com.pers* 2023). Para más especificaciones ver Tabla S4.

Si bien es una de las mutaciones más recurrentes del ADNmt, un trabajo en preparación ha permitido interpretar la transición T152C como una variable diagnóstica del clado nombrado como C1c11 (Claudio Bravi com.pers 2023). En base en esta comunicación personal, se define aquí la organización interna de dicho clado. En la red de haplotipos analizada, esta transición solo fue observada en individuos antiguos, aunque trabajos de menor resolución realizados en poblaciones contemporáneas han reportado este polimorfismo. Ejemplo de esto son los individuos Huilliche de Los Lagos (H95) y de Iquique (01-0136) reportados por de Saint Pierre, Bravi et al. (2012) y Gómez-Carballa et al. (2016), respectivamente. El individuo adscrito como Huilliche también presentó la variante 16298@ y la variante recurrente T16311C observadas en el individuo antiguo I12365 Selk'nam de Norte de Tierra del Fuego (Nakatsuka et al., 2020) y asignado en este trabajo como C1c11g1a (Figura 15 #3) y la posición (también recurrente) G16390A que junto con el polimorfismo G8573A define el clado C1c11i (Figura 15). Las transiciones T16311C y G16390A fueron también reportadas en individuos de poblaciones contemporáneas en el centro y noreste de Argentina y Chile (de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012; García et al., 2018; Gómez-Carballa et al., 2016). Lamentablemente, la mayoría de las posiciones diagnósticas para C1c y sus sub-haplogrupos se ubica en la región codificante, la cual no se ha analizado en la mayoría de los trabajos publicados.

Para la región pampeana, las variables diagnósticas C1c + T152C han sido reportadas en tres (3) individuos del sur de la provincia de Buenos Aires (sitio Arroyo Seco 2) por Roca-Rada et al. (2021) fechados entre los 7615 ± 90 y 6300 ± 70 años AP (Figura 15 #9, #10 y #11).¹⁹ También Posth et al. (2018) reportaron las variantes diagnósticas para C1c, en este caso con ausencia de la transición T152C, en un individuo del sitio Arroyo Seco 2 con el mismo fechado indirecto (6300 ± 70 años AP, muestra I7090).

En la costa norte de Patagonia central, Parolin, Galimany et al. (2019) documentaron la presencia C1c + T152C en un individuo con una profundidad temporal de 2410 ± 50 años AP. El individuo mencionado en ese estudio como *Calle Tehuelches* e incluido en el presente estudio como AEH143, ha sido interpretado como un linaje norteamericano C1c8 en el trabajo de Parolin, Galimany et al. (2019) por la presencia de C16114T en la Región Control. Sin embargo, entendiendo que no existe otra correlación más que este sitio recurrente entre las muestras modernas de América del Norte (GeneBank ID: EU327891 and EU431087) y las analizadas en el presente trabajo y bajo la interpretación de que C1c8 y C1c11g no son grupos hermanos derivados de un ancestro común con este polimorfismo, se propone un nuevo clado

¹⁹ Dos de los tres individuos reportados por Roca-Rada et al. (2022) presentan datación indirecta. Ver Roca-Rada et al. (2022) para mayor detalle.

nombrado tentativamente como C1c11g y ramas internas (C1c11g1 y C1c11g1a) soportado por las muestras E41, AEH143, C24-2 (#1, #2 y #4; este estudio) y I12365 (#3; Nakatsuka et al., 2020) con una profundidad temporal de, al menos, 2430 ± 80 años AP (Figura 15). El tiempo de coalescencia estimado para el sub-haplogrupo C1c11g fue de 6317,76 años AP (intervalo 4580,41; 8105,92) (Apéndice P). En Patagonia sur, recientemente Arencibia et al. (2022) mediante el análisis de mitogenomas, reportaron las variantes diagnósticas de C1c11g1 (T7085C, G3736A, C11515T y A13032G) en tres individuos de la costa norte de la provincia de Santa Cruz. Las dataciones reportadas por los autores (algunas tomadas de contextos arqueológicos) se encuentran entre los 1110 ± 60 y 810 ± 60 años AP.

Otros individuos de la costa sur de Patagonia central analizados en este estudio presentaron el mismo haplotipo C1c11 + G709A + G1719A (sitio Cabo dos Bahías, muestras B14 y B15). Estos compartían el mismo enterratorio cuyos análisis de contexto determinaron como múltiple y primario, con fechados estimados en 2200 ± 80 y 2070 ± 80 años AP, por lo que se conjetura que formaron parte de un mismo locus de entierro (Millán et al., 2022). A su vez, otros dos individuos de la costa norte de la provincia del Chubut (D33c y AEH144) presentaron las variantes G8573A y G16390A propuestas aquí como diagnósticas del clado C1c11i (Figura 15; #7 y #8) y cuyo tiempo de coalescencia fue estimado en 4170,89 años AP (2361,18; 6164,09), unos 2000 años más recientes que el clado C1c11g (Apéndice P).

En la sub-región Patagonia insular, por su parte, el ahora clado C1c11 ha sido reportado en dos individuos antiguos del sitio Punta Santa Ana y datados en 6290 ± 30 (individuo 5832; Moreno Mayer et al., 2018) y 6540 ± 110 años AP (Moraga, *com. pers* citado en Parolin, Galimany et al., 2019) y en un individuo reportado por Nakatsuka et al. (2020) del Norte del archipiélago de Tierra del Fuego de 5205 ± 58 años AP de antigüedad. Tanto el individuo 5832 como el I7090 reportado por Posth et al. (2018) fueron eliminados de las redes de haplotipos por presentar baja cobertura tanto horizontal como vertical. En el caso del individuo 5832, se pudo verificar la presencia de la posición C16114T con buena profundidad, mientras que la variante T7085C solo se halló en un *read* secuenciado (1 de 1). Se verificó la ausencia con buena profundidad de los restantes polimorfismos que se encuentran dentro de las subramas de C1c11g.

Continuando con la sub-región Patagonia insular, cabe mencionar a los dos (2) individuos analizados por Motti et al. (2020) provenientes del antiguo Cementerio de la Misión Salesiana ubicado en la ciudad de Río Grande, Tierra del Fuego y que data del año 1920. Uno de ellos presentó la posición diagnóstica T152C y las variantes distintivas C151T y G124A no halladas en los individuos analizados en esta tesis.

Futuros trabajos en poblaciones contemporáneas y antiguas de la región patagónica cuya resolución permita analizar la porción codificante del ADNmt, permitirán esclarecer la filogenia de este clado. Por el momento, su presencia en individuos tanto en la costa norte de la provincia del Chubut como en individuos de la costa norte de la provincia de Santa Cruz (Arencibia et al., 2022) permite refutar la observación de Roca-Rada et al. (2022) respecto de la ausencia de este linaje en individuos ancestrales del este del Cono Sur de Sudamérica.

Haplogrupo D1g

En el presente trabajo un total de 24 individuos y 17 linajes diferentes fueron asignados al haplogrupo D1g o a algunos de sus sub-haplogrupos (Figura 16; Tabla 3). Siete (7) de estos individuos fueron tomados de Parolin et al. (en preparación). La red de haplotipos para este clado fue construida a partir de 53 individuos y 34 haplotipos diferentes obtenidos de mitogenomas completos de individuos antiguos y contemporáneos disponibles en la bibliografía publicada y bases de datos (Tabla S4; Apéndice O).

Estudios de ADNmt llevados a cabo en poblaciones de Patagonia han demostrado que D1g es el clado más frecuente en la región, tanto en poblaciones antiguas (Arencibia et al., 2019; Crespo, Favier Dubois, et al., 2017; de la Fuente et al., 2015; Postillone, Martínez, et al., 2020), como contemporáneas con una distribución casi exclusiva en el extremo sur de Sudamérica y alta incidencia en el centro-sur de Argentina y Chile (Bodner et al., 2012; de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012; Postillone, Cobos, et al., 2020). Su alta frecuencia en una limitada región geográfica, su gran diversidad interna y los tiempos de coalescencia estimados han llevado a hipotetizar un origen temprano del linaje en el proceso de colonización por los primeros pobladores y un origen común para las poblaciones por debajo del paralelo 40°S de Chile y Argentina (Bodner et al., 2012; de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012).

En poblaciones ancestrales, D1g ha sido reportado en estudios de Patagonia norte (Crespo, Favier Dubois, et al., 2017), sur (Arencibia et al., 2019, 2022; Franco et al., 2017; Motti et al., 2019) e insular (de la Fuente et al., 2015; Motti et al., 2020; Nakatsuka et al., 2020; Raghavan et al., 2015). Para la región pampeana (centro-este de Argentina), también ha sido reportada su presencia por Postillone, Martínez et al. (2020) en nueve (9) individuos del sitio Paso Alsina 1, ubicado en la transición Pampa-Patagonia, al sur de la provincia de Buenos Aires. En esta misma provincia Roca-Rada et al. (2021) reportaron su presencia en un individuo del sitio Arroyo Seco 2 (ASO_B10_S15) y de antigüedad asignada al Holoceno medio (7000 ± 80 años AP). Los tiempos de coalescencia estimados para este clado van desde los ~ 18.000 (Bodner et al., 2012) hasta los ~ 15.000 (de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012; Roca-Rada et al., 2021). El tiempo estimado en esta tesis a partir de las secuencias de mitogenomas de 155 individuos

fue de unos 2.000 años menos a los reportados por estos autores (10.153,31 intervalo: 8501,67; 12.188,22) (Apéndice P).

Sub-haplogrupo D1g5

El sub-haplogrupo D1g5, ha demostrado tener una distribución sumamente amplia, encontrándose en poblaciones actuales situadas desde el NOA (Catamarca y La Rioja), cuyo (Mendoza, San Luis y San Juan) y el centro de Argentina (Córdoba) (García et al., 2018; Motti, 2012). En la región patagónica, de Saint Pierre, Bravi et al. (2012) y Bobillo et al. (2010) han reportado la presencia de este clado en individuos actuales de Río Negro, de la región de Trata-Trapa (Chile) y en un individuo de Loma Redonda (Chubut, Argentina). También ha sido reportado en poblaciones de Uruguay (Figueiro et al., 2022), del centro de Chile (Gómez-Carballa et al., 2016) (Gómez-Carballa et al., 2016) y en poblaciones indígenas Pehuenche y Mapuche-Tehuelche (de Saint Pierre, Bravi, et al., 2012), estas últimas asignadas como D1g1.

En poblaciones antiguas, la presencia de D1g5 ha sido reportada en sitios arqueológicos de Jujuy (Postillone et al., 2017), Córdoba (García et al., 2021; Nores et al., 2022), Río Negro (Crespo, Favier Dubois, et al., 2017), Chubut (Parolin, Galimany et al., 2019²⁰), Santa Cruz y Tierra del Fuego (Arencibia et al., 2019, 2022; Crespo, Favier Dubois, et al., 2017; García-Guraieb et al., 2015; Motti et al., 2020; Nakatsuka et al., 2020), demostrando tener una distribución sumamente amplia y permitiendo hipotetizar una alta variabilidad interna con diferencias interpoblacionales (Motti et al., 2019).

En su trabajo, García et al. (2021) presentaron los resultados de 22 individuos antiguos del centro del país, de los cuales solo dos (2) fueron asignados al clado D1g5 proponiendo nuevas ramas internas y una distribución a latitudes más bajas para el sub-haplogrupo definido, en ese trabajo, por las posiciones diagnósticas G499 y A3505 como D1g5a. Asimismo, basados en el haplotipo de un individuo contemporáneo de Trinidad, Uruguay (VA35) carente de tres (3) de los polimorfismos definitorios de D1g5, Figueiro et al. (2022) proponen definir un nuevo sub-haplogrupo denominado pre-D1g5 ancestral con respecto a D1g5, o bien, re-denominar la definición de D1g5. En base al análisis comparativo de las muestras analizadas en la presente tesis se presentan algunas modificaciones a la propuesta publicada por estos autores (Figura 16; Tabla S4).

²⁰ Individuo La Azucena, aquí nombrado como AEH152

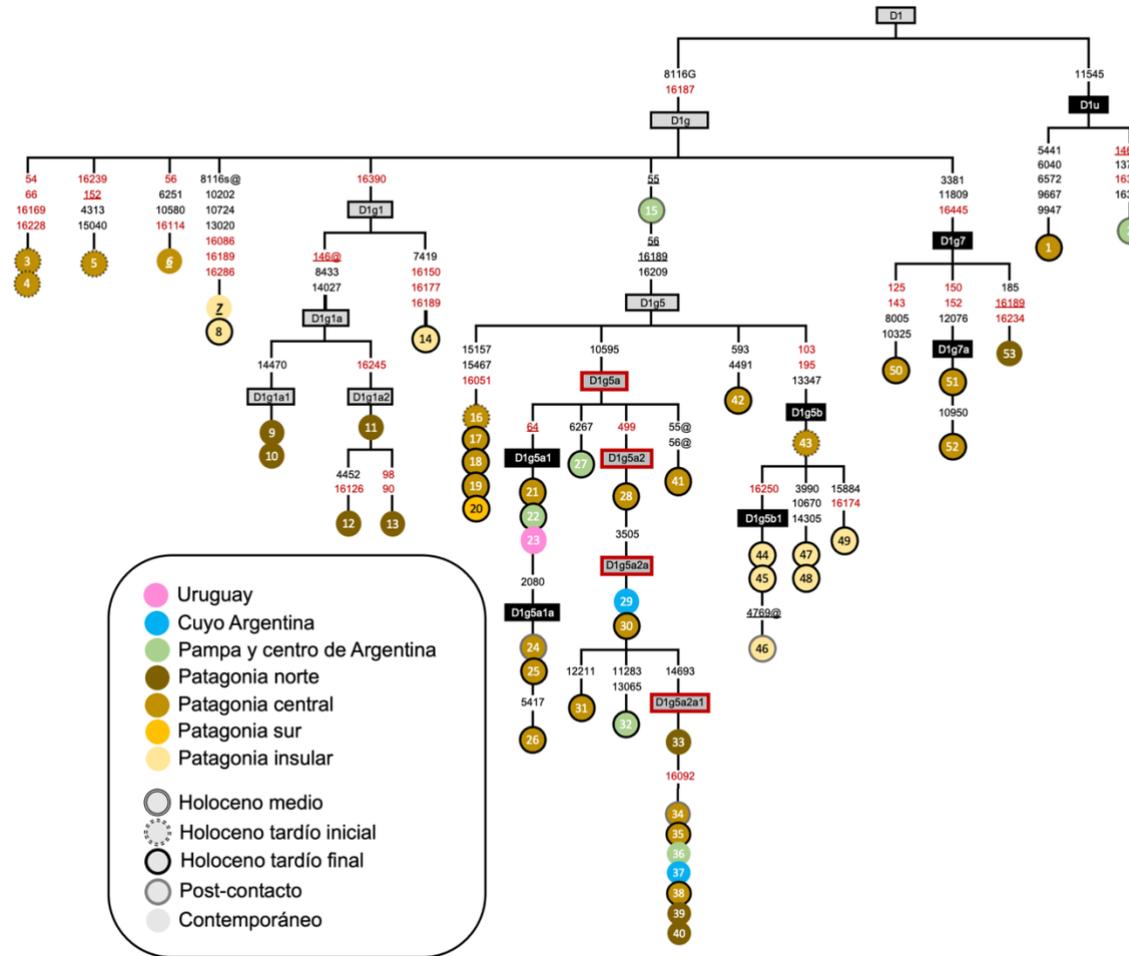


Figura 16: Árbol filogenético reconstruido a partir de 53 mitogenomas. Los números en círculos corresponden a mitogenomas de individuos discutidos en el texto y especificados en Tabla S4. Los números de individuos en cursiva y subrayados (6 y 7) no cuentan con dato de fechado. Las mutaciones corresponden a transiciones a no ser que se especifique lo contrario. En color bordó se presentan las mutaciones de la Región Control del ADNmt. Los clados con borde bordó fueron modificados de la definición de García et al. (2022). Subrayado se indican las posiciones recurrentes. Los rectángulos con fondo negro corresponden a nuevas definiciones de clados. Rangos temporales en años 14C AP: Holoceno medio: 7400-4000; Holoceno tardío inicial: 3990-2000; Holoceno tardío final: 1990-200; post-contacto: <200. Para más especificaciones ver Tabla S4.

En esta tesis se propone definir D1g5 por las variantes diagnósticas T55C, A56G, T16209C y T16189C (esta última con la salvedad de que es recurrente). La presencia de la mutación T55C en el individuo ancestral ASO_B10_S15 (Figura 16; #15) de la región pampeana datado en 7000 ± 80 años AP y carente de las otras variantes diagnósticas de D1g5 puede interpretarse como ancestral a la ganancia de dichas variantes por parte del linaje. Aplicando PMDtools, las mutaciones T55C y A56G no se hallaron en el individuo E39 analizado en la presente tesis, pero si los restantes polimorfismos que definen al clado D1g5a, por lo que se decidió adjudicarle retromutaciones en dichas posiciones. Asimismo, y respetando la nomenclatura propuesta por García et al. (2021), se redefine la rama interna D1g5a por la sola presencia de la transición T10595C. Dentro de esta, dos ramas internas son identificadas por las variantes C64T y G499A y definidas como D1g5a1 y D1g5a2, respectivamente con sub-ramas internas de cada una (Figura 16). En estas nuevas definiciones de clados, el individuo VA35 reportado en Figueiro et al. (2022) se clasificaría como D1g5a1 y compartiría el mismo haplotipo que los individuos A07 y 116 rescatados de la costa norte de Patagonia central y del centro de Argentina (provincia de Córdoba; García et al., 2022), y fechados en 1530 ± 50 y 889 ± 59 , respectivamente (Figura 16; #21-23; Tabla S4).

El análisis comparativo con los individuos incluidos en este trabajo confirma la posición basal al sub-haplogrupo D1g5 de la muestra ASO_B10_S15, tal como observaron Roca-Rada et al. (2021). Sin embargo, la incorporación de nuevos mitogenomas asignados como D1g5 permite interpretar una estructura interna más compleja para este clado donde el individuo LCH.E4.4 no es basal a los linajes contemporáneos D1g5 como se observa en Roca-Rada et al. (2021) (Figura 16; #27). Si bien los autores hipotetizan un origen con centro de distribución en la región pampeana, los resultados aquí presentados, suponen una frecuencia mucho más elevada de D1g5 para Patagonia central con patrones complejos de diversificación que incluyen ramas internas soportadas por individuos procedentes de sitios arqueológicos de la costa norte del Chubut de datación similar a LCH.E4.4 (p.ej. A07 #21), e incluso más antiguas y más australes, como es el caso del individuo C23D (#16) del sitio Cabo dos Bahías (Patagonia central costa sur) fechado por datación directa en 2143 ± 23 años AP (Figura 16; Tabla S4) y de los individuos recientemente publicados en congreso por Arencibia et al. (2022) provenientes de la costa norte de la provincia de Santa Cruz con fechado de 2210 ± 100 y 1820 ± 60 y asignadas en este trabajo como D1g5b.

El tiempo de coalescencia de D1g5 estimado en esta tesis en 5781,65 años AP (intervalo 4280,73–7221,1) se corresponde con el reportado por Roca-Rada et al. (2021) (6058; intervalo 2507 – 9994). Por su parte, el D1g5a previamente reportado por García et al. (2021)

en 3246,24 años AP (intervalo 1517,44- 5223,22) también es consistente con el aquí estimado en 3834,21 (intervalo 2583,92-5162,4) (Apéndice P).

Sea cual fuere el lugar de origen del sub-haplogrupo D1g5, las evidencias hasta el momento disponibles muestran una elevada diversificación interna de este clado hacia el HTF (1900-200 años AP) para Patagonia central con haplotipos compartidos entre individuos de esta macrorregión e individuos de poblaciones actuales y antiguas de la región pampeana y actuales de Patagonia norte (Río Negro).

La variabilidad interna observada para este linaje se encuadra en la propuesta de algunos autores sobre la baja diversidad genética de las poblaciones debido a su baja demografía con tendencia a la variación interna y aumento de esta variabilidad hacia el HT, período a partir del cual la red de contactos y movilización de las comunidades autóctonas se vio acrecentada (Crespo, Russo, et al., 2017), en sintonía con una reorganización social e innovación tecnológica observada mediante diferentes aproximaciones arqueológicas en la costa norte de Patagonia central (Banegas et al., 2020; Banegas & Goye, 2015; Gómez Otero & Bellelli, 2006).

Por otro lado, Motti et al. (2019) han hipotetizado diferencias entre los haplotipos asignados a D1g5 hallados en poblaciones actuales del centro y centro-oeste de Argentina y los haplotipos de poblaciones del norte de Patagonia y Chile central. Mientras que los primeros se caracterizarían por la presencia de los polimorfismos T16092C y G185A, los últimos lo harían por la presencia de C64T. La co-ocurrencia del polimorfismo G499A y T16092C ha sido reportada en los individuos asignados al clado D1g5a2a provenientes de poblaciones contemporáneas de la región pampeana (San Luis y Córdoba capital; Garcia et al., 2021) y en individuos pertenecientes a poblaciones antiguas de la presente tesis hallados en el VIRCH (F44 y F49) y en la actual ciudad de Puerto Madryn (AEH156) (Figura 16; #34, #35, #38, respectivamente). En cuanto a la variable C64T, esta ha sido observada en cuatro (4) individuos de la región bajo estudio con una antigüedad máxima de 1530 ± 50 años AP (Figura 16; #21, 24-26), en un individuo del centro del país datado en 889 ± 59 años AP (Potrero del Garay; individuo 116; #22) y en un individuo contemporáneo de Uruguay (individuo VA35; #23). No fue observada la presencia de los polimorfismos T16092C ni C64T en los individuos más australes publicados por Nakatsuka et al. (2020). Dadas estas observaciones, los análisis de la presente tesis no corroboran el patrón diferencial observado por Motti et al. (2019).

Continuando con el análisis de las ramas internas de D1g5, se observa que, dentro del clado nombrado como D1g5b, el individuo de la costa sur de Patagonia central B16 (Figura 16; #43; sitio Cabo dos Bahías) datado en 2123 ± 23 años AP, parecería ser un haplotipo ancestral a

los individuos de Península Mitre y el Norte del Archipiélago de Tierra del Fuego (#44, 45, 47-49) publicados por Nakatsuka et al. (2020) y al individuo MA577 (#46), también de Tierra del Fuego sin mayor especificación de Raghavan et al. (2015), cuyos fechados han arrojado temporalidades menores (entre 800 ± 20 hasta 100 años AP). El tiempo de coalescencia estimado para este nuevo clado fue de 3028,59 años (intervalo 2123,56-4064,91) (Apéndice P).

Siguiendo con el análisis de estas posiciones, cabe mencionar que varios trabajos de regiones HVI, HVII y Región Control han reportado la co-ocurrencia de las variantes G103A, T195C y A16250T. Ejemplo de ello son cuatro individuos históricos del cementerio de la Misión Salesiana en Tierra del Fuego (Motti et al., 2020);²¹ un individuo antiguo sin datar (Fraile) reportado para el sur de la provincia de Santa Cruz (Motti et al., 2019) y un individuo (PZ4) proveniente del sitio Piscicultura, Canal de Beagle y datado en 818 ± 44 años AP (Crespo et al., 2020). Si bien, debido a la resolución analítica de estos trabajos no es posible verificar la mutación en posición C13347T; dada la presencia de tres de las cuatro variantes diagnósticas, podrían asignarse con confianza al clado D1g5b1 junto con los individuos analizados en Nakatsuka et al. (2020) y Raghavan et al. (2015) anteriormente mencionados.

También un individuo datado en 687 ± 43 años AP y hallado en el sitio arqueológico Lago Salitroso del centro-oeste de la provincia de Santa Cruz (individuo LS_27) presentó las posiciones T16189C, T16209C y C16250T (Arencibia et al., 2019) observadas para el clado aquí definido como D1g5b1. Lamentablemente solo se analizó la región HVI, por lo que no fue posible evaluar la presencia de las restantes mutaciones diagnósticas para este clado, aunque sí es posible asignar al individuo como D1g5, al igual que otros de ese mismo estudio que presentaron el patrón D1g+T16189C+T16209C (individuos LS12, LS21 y LS31 datados entre 352 ± 40 y 728 ± 39 años AP). Por su parte, el individuo Cerro Observación datado en 600 ± 20 años AP (Motti et al., 2019), mostró la variante A16051G presente en el bloque de individuos conformados por C23, F45, AEH158, AEH159 y I8572 definidas como D1g5 (Figura 16; #16-20). Si se verificara la ausencia de polimorfismos en las posiciones 15157 y 15467 en el individuo de Cerro Observación podría conformarse un nuevo sub-haplogrupo. Por último y con relación al tercer individuo analizado por Motti et al. (2019) y nombrado como Punta Entrada 4 (datado en 400 ± 30 años AP), este presentó las variantes C16150T y A16177G halladas también en el individuo I12354 datado en 520 ± 30 de Nakatsuka et al. (2020) (Figura 16; #14). Estas mismas variantes fueron observadas en un individuo masculino adulto (LS7)

²¹ Otras dos muestras analizadas por esta autora presentaron el patrón D1g +16189 + 16209 + 55+ 56+ 103 + 195, por lo que podrían asignarse al clado D1g5c

datado en 704 ± 42 y hallado en el sitio arqueológico Lago Salitroso (centro-oeste de la provincia de Santa Cruz) (Arencibia et al., 2019).

Otros clados fueron identificados y definidos en el presente análisis. Se destaca el sub-haplogrupo D1g7 soportado por tres individuos de Patagonia central analizados en la presente tesis (fechados entre 1990 y 500 años AP; Tabla 3) y un individuo Huilliche (H07 #53), correspondiente a una población contemporánea de Chile (Rieux et al., 2014). El tiempo de coalescencia para este nuevo clado fue estimado en 4779.91 años (intervalo 3026,78-6582,56) (Apéndice P). Asimismo, los recientes individuos LZ6 y LZ2 publicados por Arcencibia et al. (2022) comparten la variante T593C con los individuos AEH151 y E42, ambos de la costa norte de la provincia del Chubut. Si bien el individuo E42 fue eliminado de los análisis por no pasar los estándares de validación, si se corrobora su haplotipo, estos cuatro individuos conformarían un nuevo sub-haplogrupo D1g5c definido por la posición diagnóstica T593C con LZ6 basal a D1g5c y con dos ramas internas, una constituida por AEH151 y otra definida por la posición A603G y constituida por los individuos E42 y LZ2.

Es de destacar la gran cantidad de haplotipos pertenecientes al sub-haplogrupo D1g5 (o a alguna de sus ramas internas) compartidos por individuos provenientes de diferentes sub-regiones y temporalidades. Por ejemplo, los individuos de la costa norte (F45, AEH159), la costa sur (C23) y la meseta (AEH158) de Patagonia central cuyas temporalidades van desde ~ 200 a 2143 ± 23 años AP comparten un mismo haplotipo con el individuo I8575 hallado en Patagonia austral (Magallanes, Chile) y datado en 428 ± 46 años AP (Nakatsuka et al., 2020) (Figura 16; #16-20). Los sitios donde fueron hallados estos individuos se encuentran a un mínimo de 300 km y un máximo aproximado de 1.300 de distancia. Podemos mencionar también los haplotipos compartidos entre el individuo A07 de PV datado en 1530 ± 50 y el individuo 116 del sitio Potrero de Garay de la región pampeana (Córdoba) datado en 889 ± 59 (García et al., 2021) (#21 y 22). Ambos sitios distan aproximadamente en 1.400km. Otros haplotipos compartidos son los pertenecientes a los individuos E40 y AEH152 (#24 y 25) provenientes del VIRCH y PV y datados en 270 ± 60 y 880 ± 50 , respectivamente; y los individuos LTM42 y AEH154 (#29 y 30) de la población actual de San Luis y de la costa norte del Chubut, (este último datado en 750 ± 50 años AP) (Figura 16). Tres individuos de la costa norte de Patagonia central (F44, F49 y AEH153), un individuo contemporáneo de Cuyo (LTM18), uno del centro de Argentina (M92) y dos de Río Negro (686622 y ARN129) presentan el mismo haplotipo y se nuclean bajo el individuo ancestral ARN126 de Río Negro (Bodner et al., 2012) definiendo el sub-haplogrupo D1g5a2a1 (Figura 16; #33-40; Tabla S4). Lamentablemente no se ha reportado la localidad del individuo ARN126, por lo que no es posible inferir si se trata de la vertiente atlántica o andina.

La presencia de haplotipos compartidos por individuos de diferentes temporalidades y regiones geográficas se condice con la hipótesis de alta movilidad y baja densidad demográfica con un aumento hacia el HT propuesta para poblaciones cazadoras-recolectoras de Patagonia y observada mediante investigaciones arqueológicas en el área bajo estudio de esta tesis.

Los tiempos de coalescencia estimados por Bodner et al. (2012) calculado para D1g confirman que la dispersión de los humanos por el continente americano fue extremadamente rápida con un tiempo menor a 2000 años en base al tiempo de coalescencia estimada para D1 (~13.900 y ~18.300) por otros autores (Achilli et al., 2008; Perego et al., 2010). Sin embargo un trabajo reciente publicado por Roca-Rada et al. (2021) en concordancia con el trabajo previamente publicado de Llamas et al. (2016) estima el tiempo para D1g entre ~20.900 y ~11.700 años AP (tiempo promedio de ~15.523). Para el caso de D1g5, los tiempos de coalescencia estimados resultan ser más recientes (~6050 años AP), lo que ha llevado a Roca-Rada et al. (2021) a refutar la diferenciación temprana de este clado durante el poblamiento del Cono Sur de Sudamérica propuesto por otros autores (Motti et al., 2019; Prieto et al., 2020 citados en Roca-Rada et al., 2021). Los tiempos de coalescencia estimados en esta tesis arrojaron, para D1g5, tiempos concordantes con los reportados por Roca-Rada et al. (2021) (5781,65; intervalo 4280,73-7221,1).

7.4 Abordaje de los objetivos e hipótesis: nivel sub- y micro-regional

Las 33 muestras recolectadas y validadas para esta tesis corresponden a cuatro microrregiones diferentes de la provincia del Chubut: dos (2) muestras de la Meseta, cinco (5) muestras de Península Valdés (PV), 16 del valle inferior del río Chubut (VIRCH) y cinco (5) de la microrregión sureste de la provincia (SEP). Asimismo, una quinta microrregión fue nombrada como Transición (N=5) y corresponde a la zona comprendida entre PV y VIRCH (Figura 8).

Teniendo en cuenta los individuos procesados por Parolin et al. (en preparación), se cuenta con un total de tres (3) muestras de la Meseta, ocho (8) de PV, 11 de transición y 21 muestras del VIRCH, que junto con las cinco muestras del SEP dan un total de 48 individuos (Tabla 4).

Tabla 4: Resumen de la cantidad de muestras con la que se cuenta para abordar los objetivos particulares de la presente tesis.

	Holoceno Medio	Holoceno Tardío		Post-contacto	s/d	Total
		Inicial	Final			
PV	0	2	5	0	1	8
Transición	0	5	6	0	0	11
VIRCH	1	1	17	2	0	21
SEP	0	5	0	0	0	5
Meseta	0	0	3	0	0	3
Total	1	13	31	2	1	48

Análisis de diversidad genética

Para evaluar los patrones de diversidad genética en la muestra poblacional de esta tesis, se calculó el número de haplotipos (h), el número de sitios polimórficos (S), la diversidad nucleotídica (π), la diversidad haplotípica (H_d) y el número promedio de diferencias nucleotídicas (k) (Nei 1987; Nei and Miller 1990) para las variables especificadas en la Tabla 5 mediante el programa DnaSP 6 (Rozas et al., 2017). Cabe destacar que, al tratarse de mitogenomas, algunos de estos estimadores no son tan informativos. En particular, es esperable que el número de haplotipos (h) sea directamente proporcional y casi exactamente igual al número de individuos (n). Algo similar ocurre con los valores de diversidad haplotípica (H_d). Sin embargo, al tratarse de poblaciones ancestrales y considerando el número reducido de individuos por grupo poblacional y la baja diversidad genética esperada según estudios previos realizados en la región, consideramos importante informarlos.

Las estimaciones mostraron para Meseta, PV y Transición una mayor diversidad haplotípica que para VIRCH y SEP. PV presentó, a su vez, una mayor diversidad nucleotídica y un mayor número promedio de diferencias nucleotídicas, mientras que VIRCH presentó un mayor número de sitios polimórficos, posiblemente por presentar el mayor número de individuos. SEP mostró la menor diversidad nucleotídica y haplotípica. A pesar de la diferencia en término de número de individuos, PV ($n = 8$) presentó, en promedio, mayor número de diferencias nucleotídicas, mayor diversidad haplotípica y mayor diversidad nucleotídica que VIRCH ($n = 21$).

En cuanto a diversidad observada en correlación con la temporalidad, el HTF presentó valores más elevados en todos los parámetros estimados (Tabla 5). Esto puede ser debido a que el número de individuos es relevantemente mayor que los asignados al HTI, lo cual es consistente con la observación generalizada de un aumento demográfico y un aumento en los rangos de movilidad y contactos interétnicos (Gómez Otero, 2006, p. 386).

Tabla 5: Estimaciones de diversidad genética obtenida para la totalidad de las muestras analizadas en esta tesis ($N=48$) y agrupadas bajo las variables de interés “microrregión,” “temporalidades” y “clados.” El número de haplotipos (h), el número de sitios polimórficos (S), la diversidad nucleotídica (π), la diversidad haplotípica (H_d) y el número promedio de diferencias nucleotídicas (k) fue estimado mediante el programa DnaSP 6 (Rozas et al., 2017). En subrayado se marca el mayor valor observado para cada parámetro estimado.

Variable	Grupos	n	Sitios (pb)	k	S	h	$H_d \pm sd$	π
Microrregión	<i>PV</i>	8	16445	<u>30,929</u>	78	8	1,000±0,063	<u>0,00188</u>
	<i>Transición</i>	11	15781	26,618	75	10	0,982±0,046	0,00169
	<i>VIRCH</i>	21	16260	27,190	<u>106</u>	<u>19</u>	0,990±0,018	0,00167
	<i>SEP</i>	5	16489	22,600	42	4	0,900±0,161	0,00137
	<i>Meseta</i>	3	16175	24,667	37	3	1,000±0,272	0,00152
Temporalidades	<i>HTF</i>	31	15840	<u>26,675</u>	<u>120</u>	<u>28</u>	<u>0,991±0,012</u>	<u>0,00168</u>
	<i>HTI</i>	13	15736	22,769	81	11	0,974±0,039	0,00145
Clados	<i>B2</i>	8	16474	7,571	25	8	<u>1,000±0,063</u>	0,00046
	<i>C1b</i>	8	15972	7,286	24	8	<u>1,000±0,063</u>	0,00046
	<i>C1c</i>	7	15788	7,619	20	6	0,952±0,096	0,00048
	<i>D1g</i>	25	16410	<u>8,547</u>	<u>48</u>	<u>17</u>	0,960±0,023	<u>0,00052</u>
Total	-	48	15188	24,486	137	38	0,988±0,008	0,00161

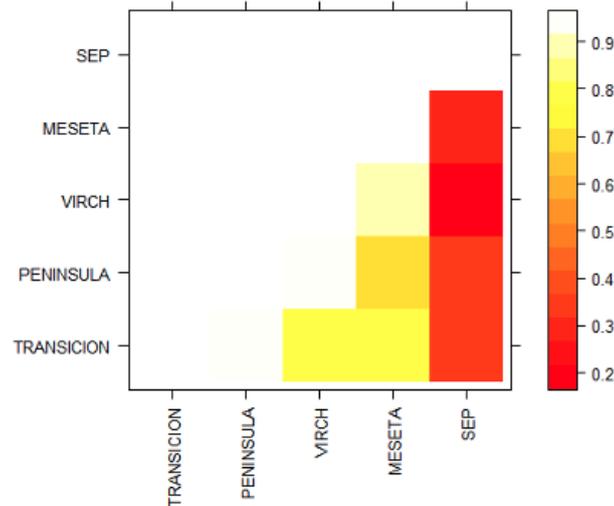
En términos de diversidad genética por clados, B2 junto con C1b presentó la mayor diversidad haplotípica e igual diversidad nucleotídica que el clado C1b. Por su parte, C1c si bien presentó la diversidad haplotípica más baja, su diversidad nucleotídica fue mayor que para B2 y C1b. Como era de esperar, D1g presentó la mayor diversidad en término de número promedio de sitios polimórficos, de diversidad nucleotídica y de número de haplotipos pero no así, en términos de diversidad haplotípica, lo cual es coincidente con el hecho que D1g fue el clado con más haplotipos completos compartidos entre dos o más individuos tanto de la sub-región Patagonia central como con individuos de otras regiones.

Análisis de estructuración geográfica del ADNmt

A fin de poner a prueba la hipótesis 3 sobre una diferenciación genética entre las microrregiones PV y VIRCH, se realizó una prueba exacta de Fisher (Fisher, 1962). Este análisis pone a prueba la asociación o independencia entre las microrregiones geográficas establecidas *a priori* y las distancias genéticas en términos de frecuencia de haplogrupos observados. Los resultados obtenidos no mostraron una asociación significativa (valor $p > 0,05$; no se rechaza la H_0 de independencia) entre la variable genética y la geográfica en ninguna de las dos agrupaciones de frecuencia de clados confeccionadas (Apéndice Q) (valor $p = 0,1544$ y $0,066$).

Con el objetivo de indagar con mayor profundidad sobre posibles diferencias genéticas entre las microrregiones analizadas se calcularon valores de PhiST. Este análisis evidenció que no hay diferencias genéticas significativas ($p > 0,05$) en términos de frecuencias alélicas de los haplotipos mitocondriales entre las microrregiones establecidas (Figura 17). Esto es consistente con los resultados obtenidos a partir de la prueba exacta de Fisher que indica que no hay asociación significativa entre la diversidad genética y las microrregiones establecidas en base a evidencia arqueológica.

En líneas generales, se observó que la microrregión SEP, ubicada al sureste de la provincia del Chubut, presentó los mayores valores de diferenciación (PhiST) con el resto de las microrregiones (Figura 17). Uno de los individuos recuperados de esta microrregión (sitio Cabo dos Bahías), presentó un haplotipo hermano (Figura 15; #4) y otro, un haplotipo ancestral (Figura 16; #48) al de individuos recuperados de la Patagonia insular. Si bien esta asociación podría deberse simplemente a un sesgo muestral, los resultados aquí presentados parecerían avalar una mayor afinidad genética entre los individuos del extremo sur de la provincia del Chubut (SEP) con los individuos más australes recuperados de Nakatsuka et al. (2020), consistente con una mayor afinidad genética asociada a una mayor cercanía geográfica.



	TRANSICION	PV	VIRCH	MESETA	SEP
TRANSICION	-	0,9161	0,8062	0,7822	0,3586
PV	0,0000	-	0,9161	0,6943	0,3177
VIRCH	0,0000	0,0000	-	0,8981	0,2138
MESETA	0,0000	0,0000	0,0000	-	0,2837
SEP	0,0098	0,0213	0,0389	0,0000	-

Figura 17: Análisis de diferenciación genética entre microrregiones. La tabla muestra los valores de PhiST (diagonal inferior) obtenidos de la comparación de a pares entre las microrregiones geográficas establecidas en base a evidencia arqueológica. PV: Península Valdés; SEP: sureste de la provincia; VIRCH: valle inferior del río Chubut; Transición: región comprendida entre VIRCH y PV. Los p-valores asociados se presentan en la diagonal superior de la tabla y graficados en la figura. La representación gráfica de la matriz fue realizada con la función levelplot de la librería "lattice" en R.

Con los resultados obtenidos a partir de la prueba exacta de Fisher y la comparación de a pares por medio del índice PhiST, podemos decir que los haplotipos se distribuyen al azar entre las microrregiones establecidas, algo que es consistente con la distribución aleatoria de los individuos en el árbol filogenético construido con ML (Figura 18a). Asimismo, el *Bayesian Skyline Plot* utilizado para reconstruir la historia demográfica de la población bajo estudio, muestra un crecimiento poblacional que inicia hacia los 5000 años AP, alcanzando cierta meseta en su crecimiento hacia los 4000 años AP con un punto máximo de incremento efectivo poblacional identificado entre los 3000 y 2500 años AP, aproximadamente (Figura 18b). El punto de inflexión del decrecimiento posterior, se observa en 1000 años AP alcanzando el punto más bajo de la curva alrededor de hace 500 años AP.

En líneas generales, el BSP captura la dinámica poblacional observada por evidencias arqueológicas que muestran un incremento de la cantidad de enterratorios hacia los ~3200 años AP y un decrecimiento de los mismos hacia fin del HTF (~250 años AP).

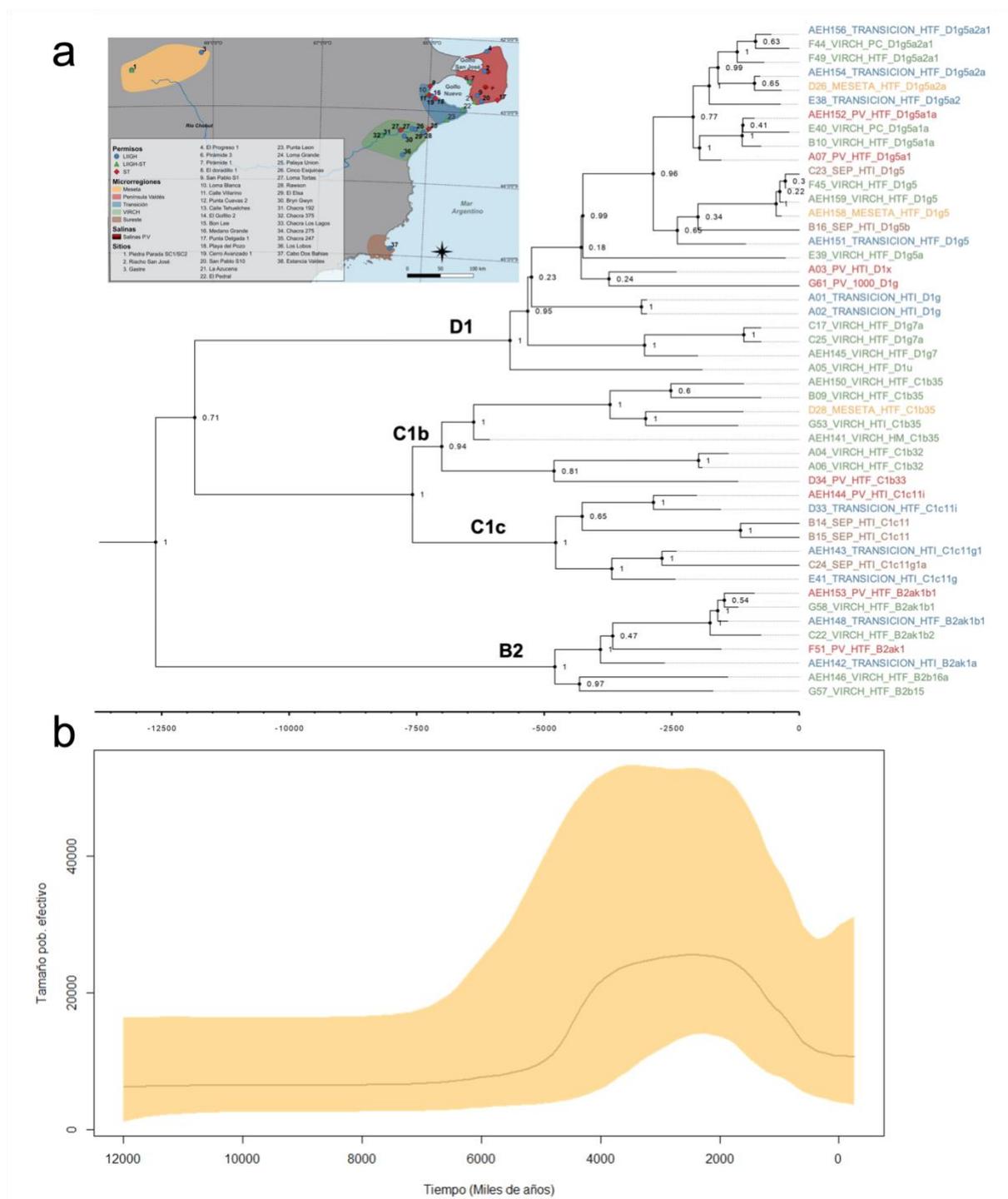


Figura 18: Árbol filogenético y *Bayesian Skyline Plot* (BSP) construido a partir de los mitogenomas completos analizados en esta tesis (N = 48) con BEAST. La figura (a) muestra la topografía obtenida para los individuos analizados y el soporte de cada nodo. La coloración de cada individuo se corresponde con las microrregiones identificadas en el mapa ubicado en el margen superior izquierdo de la figura. En el eje horizontal se presenta el tiempo medido en miles de años (^{14}C AP). (b) Gráfica resultante del análisis de BSP mostrando el crecimiento en el tamaño efectivo poblacional (eje Y) a través del tiempo (eje X). La línea negra señala la mediana del tamaño efectivo poblacional estimado, mientras que el sombreado de color representa el intervalo HPD del 95%.

Análisis de estructuración temporal de los linajes de ADNmt

Continuando con los análisis demográficos y con el fin de poner a prueba si la diversidad genética de la muestra poblacional de los individuos bajo estudio variaba a lo largo del período analizado (objetivo particular 4), se realizó una prueba de Mantel.

La correlación entre la matriz de distancias genéticas y la matriz temporal confeccionada a partir de dataciones radiocarbónicas (^{14}C años AP) de los individuos estudiados en la presente tesis (Patagonia central; $N = 48$), no permitió rechazar la hipótesis nula de no correlación ($z = 2134.478$; p -valor: 0,5761). Por lo tanto, y al menos en lo que respecta a la muestra poblacional analizada en esta tesis, se puede concluir que no se observan cambios sustanciales en la composición de linajes maternos de la población a lo largo del periodo analizado (Figura 19). Esto puede deberse a que la mayoría de los individuos estudiados corresponden al período comprendido entre los ~ 2000 y los ~ 1000 años AP (Tabla S3), período que se corresponde con un decrecimiento poblacional observado en la Figura 18b. Si se lograra aumentar el número de individuos analizados por fuera del rango capturado, tal vez se podría detectar un cambio en la composición genética observada en el BSP.

Considerando estos resultados, la muestra poblacional de Patagonia central parecería ser, desde el punto de vista de los linajes maternos y, al menos en el rango temporal que se abarca en esta tesis, una única población.

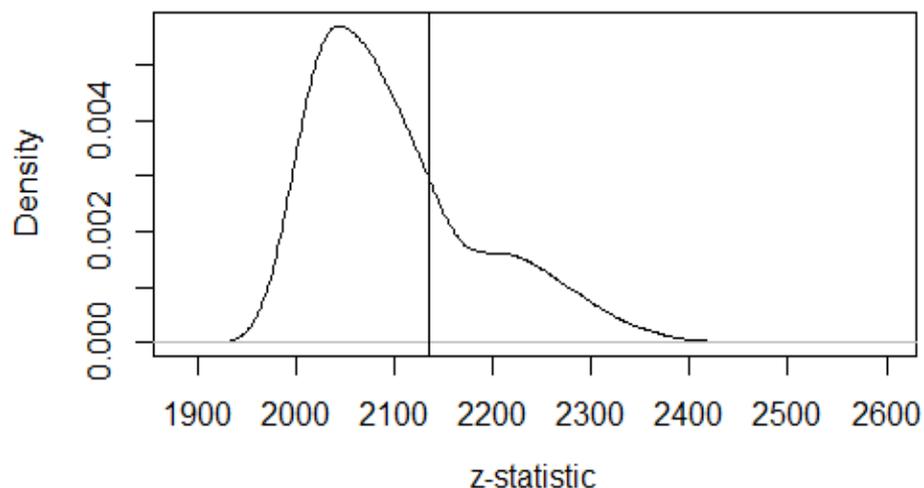


Figura 19: Gráfica de la distribución del estadístico z construido a partir de los 48 individuos analizados para Patagonia central en esta tesis. La línea vertical corresponde al valor empírico observado.

CAPÍTULO 8: DEVOLUCIÓN DE LOS RESULTADOS A LOS ENTES PROVINCIALES PERTINENTES Y A LAS COMUNIDADES LOCALES

La creciente inserción de la genética en la esfera social incentivada por medios de comunicación acríticos y por estrategias de mercado del tipo “directo al consumidor” como lo son las pruebas genéticas de ancestría y de predisposición a enfermedades, ha generado controversias, no solo en la esfera académica, sino en la ámbito político y cultural. Esto ha llevado a reconfigurar nociones complejas como la identidad (Blanchard et al., 2019; Gibbon, 2008; Wolinsky, 2019) y ha puesto en tela de juicio una nueva emergencia de conceptos raciales (López Beltrán et al., 2017; Pena et al., 2012). Un ejemplo, no menor de esto último, fueron las declaraciones de James Watson para el diario El País en 2007.²² En sus declaraciones, el genetista y premio Nobel de Medicina de 1962, afirmaba que los “negros” son menos inteligentes que los “blancos” y que esa diferencia es debido a la genética. Como consecuencia de la reiteración de su afirmación en un medio televisivo en 2019, James Watson fue despojado de sus títulos honoríficos.

La creciente referencia a la genética en los medios periodísticos y televisivos ha contribuido al imaginario social que posiciona el dato genético, no ya meramente como la unidad de la herencia, sino, como “un símbolo cultural y una entidad fundamental para entender la identidad humana, los patrones de conducta diarios, las interacciones entre personas y los dilemas sociales” (Ten Have, 2001). Incluso, algunos críticamente han mencionado la disciplina como una forma de pensar y una ideología (Rothman, 1998, p. 13).

En una ciencia y una sociedad cada vez más *genetizada*,²³ es responsabilidad de los científicos comunicar de forma clara los hallazgos, los alcances y las limitaciones de los estudios en general y, más aún en el campo de la genética, ya que esta, más que ninguna otra disciplina, ha crecido como un asunto de interés público.

8.1 Obligatoriedad ética y legal

La importancia de divulgar los resultados de una investigación científica no solo ha sido referida en las guías éticas que buscan promover buenas prácticas en la investigación genómica de poblaciones humanas ancestrales (Claw et al., 2018; Hublin et al., 2008;

²² https://elpais.com/sociedad/2007/10/17/actualidad/1192572001_850215.html

²³ El término “genetización” fue acuñado por Abby Lippman (1991) para referirse al “proceso mediante el cual las diferencias entre los individuos se reducen a sus códigos de ADN, con la mayoría de los trastornos, comportamientos y variaciones fisiológicas definidos, al menos en parte, como de origen genético.” También es pertinente mencionar el término “biosocialidad” acuñado por Rabinow’s (1996a) y desarrollado por Sahra Gibbon (2008:1-22) para referirse a la forma en que las identidades, las relaciones sociales y los cuerpos se están moldeando cada vez más por los discursos y las prácticas que giran en torno a la biología y la genética.

Prendergast & Sawchuk, 2018; Wagner et al., 2020), sino que ha sido, también, establecida como obligatoria por organizaciones reconocidas nacionalmente en el ámbito científico. Entre ellas, la Asociación de Arqueólogos profesionales de la República Argentina (AAPRA) establece en el artículo 16 de su Código de ética que “los resultados de las investigaciones arqueológicas se deben dar a conocer públicamente en un lapso razonable y en la mayor cantidad posible de ámbitos.”²⁴ Por su lado, la Declaración de Mesa de Pueblos Originarios estableció en las VIII Jornadas de Arqueología y Antropología de la Patagonia el compromiso de “[...] propiciar ámbitos de escucha, diálogo y participación en un marco de respeto con todos los sectores involucrados en relación a los temas de interés común.”²⁵ La Asociación de Antropología Biológica de Argentina (AABA) se ha pronunciado respecto del tema a través de su *Código Deontológico para el estudio, conservación y gestión de restos humanos de poblaciones del pasado*, estableciendo en su octavo inciso que “[l]os resultados de las investigaciones que involucren restos humanos deben ser informados a la comunidad científica en un tiempo razonable y por los medios usuales, al tiempo que deben explorarse las diferentes vías disponibles que aseguren una correcta y efectiva divulgación de los mismos al resto de la sociedad.” Asimismo, en Chubut, la Ley Provincial XI N° 11 de “Régimen de las Ruinas y Yacimientos arqueológicos, antropológicos y paleontológicos” y su Decreto Reglamentario N° 1387/98 establece en su artículo 10 que todos los informes y publicaciones que deriven de los trabajos en los yacimientos registrados según la Ley deberán ser elevados a la autoridad de aplicación mediante copia.²⁶

8.2 Difusión de los resultados en el marco de la presente tesis doctoral

Siguiendo la normativa ética y legal mencionada con anterioridad y cumpliendo con el compromiso asumido en Tamburrini, Dahinten et al. (2023) se elevaron informes técnicos tanto a la Subsecretaría de Cultura de la Provincia del Chubut (Apéndice R) como al Comité de Bioética del Área Programática Norte de la misma provincia. Asimismo, en el marco de encuentros con las comunidades originarias del Chubut y por invitación de la Dirección de Asuntos Indígenas, fueron brindadas charlas sobre la labor llevada a cabo en esta tesis. Entre estos encuentros se destacan: el primer Taller de Intercambio de Saberes Intercomunitarios mencionado en el capítulo 5 de esta tesis y cuyo artículo se adjunta en Apéndice B; el primer encuentro conmemorativo de la mujer indígena celebrado el 5 y 6 de septiembre del 2022 en el Centro Cultural por la Memoria de Trelew²⁷ y los eventos enmarcados en la celebración de la Semana de los Pueblos Indígenas llevada a cabo entre los días 19 y 25 de abril del 2023,

²⁴ <https://www.aapra.org.ar/codigo-de-etica/>

²⁵ <https://www.equiponaya.com.ar/eventos/8jap.htm>

²⁶ <https://digesto.legislaturadelchubut.gob.ar/lxli/xi-11.html>

²⁷ <https://ideaus.conicet.gov.ar/5-de-septiembre-dia-internacional-de-la-mujer-originaria/>

en diferentes puntos de la provincia.²⁸ Se aprovecharon estos espacios para continuar y extender la difusión iniciada en el primer Taller de Intercambio de Saberes Intercomunitarios (Apéndice B) y para ampliar el conocimiento sobre las perspectivas, dudas, inquietudes y opiniones de los miembros de diferentes comunidades originarias de la provincia respecto a dicha labor. La Figura 20 muestra algunas fotos capturadas en estos encuentros.



Figura 20: Encuentros realizados en conjunto con comunidades Originarias y demás público interesado de la provincia del Chubut. Las dos imágenes de arriba a la izquierda (a y b) corresponden a la puesta en valor del monumento histórico de Puerto Madryn “El Tehuelche,” las imágenes que se encuentran en el margen derecho (c y g) corresponden a la invitación y la ponencia del Taller organizado en conjunto con la Dirección de Asuntos Indígenas. Las restantes tres fotos (d, e y f) pertenecen al evento llevado a cabo en conmemoración del día internacional de la mujer Originaria.

Estos encuentros no se limitaron a las charlas propiamente dichas, sino que también se asistió a eventos culturales tales como 1) el IX Aniversario de la restitución del sitio arqueológico Loma Torta de la ciudad de Gaiman festejado cada 16 de abril y cuyo significado cultural ha sido ya dimensionado en Tamburrini, Dahinten et al. (2023); 2) el acto celebrado el 28 de julio del 2022 en la ciudad de Puerto Madryn, en conmemoración al desembarco de los galeses en

²⁸ <https://lu17.com/contenido/36687/chubut-celebra-la-semana-de-los-pueblos-indigenas>

el territorio chubutense y su encuentro con las comunidades originarias del área y 3) el encuentro de restauración y puesta en valor del monumento “Indio Tehuelche” en la ciudad de Puerto Madryn el 16 de diciembre del 2022 (Figura 20). Estos eventos brindaron la oportunidad de establecer contacto con otros miembros de las comunidades y adquirir mayor conocimiento sobre sus aspectos culturales y cosmovisiones; algo que también ha sido recomendado en los lineamientos éticos del trabajo con poblaciones indígenas (Bardill et al., 2018; Prendergast & Sawchuk, 2018; Wagner et al., 2020).

8.3 Consideraciones finales y compromisos a futuro

Este capítulo refleja el inicio de un compromiso de difusión establecido en Tamburrini, Dahinten et al. (2023). Como se menciona en dicho trabajo, el acuerdo asumido no termina con el desarrollo de un proyecto. La implementación de pautas éticas y la investigación basada en la participación de las comunidades es un proceso que requiere un compromiso a largo plazo y gestión adecuada. A través de la narrativa de la historia de relaciones entre científicas del IDEAus-CONICET y comunidades originarias de la provincia (Tamburrini, Dahinten et al., 2023), hemos visto que la construcción de prácticas sostenibles y responsables con las comunidades involucradas en la investigación lleva tiempo y esfuerzo de ambas partes.

Es importante reconocer que todavía queda mucho por hacer para mejorar la práctica ética en la investigación que se lleva a cabo, especialmente en lo que respecta a la inclusión y el respeto de las comunidades que históricamente han sido marginadas por el Estado. Es esencial que los investigadores se comprometan a abordar estas cuestiones y a trabajar en colaboración con las comunidades para construir relaciones más justas.

En resumen, la implementación de pautas éticas y de una investigación basada en la participación activa de las comunidades, es un proceso continuo que requerirá un compromiso constante y una gestión adecuada para lograr un avance significativo. En este sentido, se han establecido acuerdos de cooperación con la Dirección de Asuntos Indígenas en los que se propone la realización de talleres con periodicidad anual y el compromiso de incluir en la Ley Provincial V número 160 la forma de trabajo, los deberes y las obligaciones de los investigadores que trabajan con datos genéticos obtenidos de poblaciones ancestrales de la provincia del Chubut. Asimismo, queda aún por abordar la difusión de estos resultados en años tempranos de escolaridad y en la formación de los docentes de los diferentes niveles y modalidades del sistema educativo para no continuar perpetuando la narrativa colonizadora y la invisibilización del pluriculturalismo que existe en la Argentina, cuestiones resaltadas con insistencia en los encuentros llevados a cabo (véase Tamburrini, Romero Saihueque et al., 2023).

Afirmando el compromiso de divulgación asumido, una copia de la versión de esta tesis será entregada a la Dirección de Asuntos Indígenas y a la Subsecretaría de Cultura de la provincia del Chubut.

CAPÍTULO 9: CONCLUSIONES

9.1 Estado general de las muestras y recuperación del ADN

En cuanto a la recuperación del material genético, se observó que las muestras de los individuos provenientes de la Patagonia central (en su mayoría del nordeste de la provincia del Chubut), presentaron una buena preservación del ADN, con una eficiencia de recuperación de ADN del 66%. No se encontró una correlación entre el tipo de sustrato procesado (diferentes huesos y dientes) y el porcentaje de ADN endógeno recuperado (Figura 12). Además, se pudo observar una variabilidad significativa en el estado de preservación entre las muestras, incluso entre individuos de un mismo sitio arqueológico o sitios cercanos con condiciones de preservación similares (ver por ejemplo los individuos recuperados de un mismo locus de entierro del sitio Cabo dos Bahías, microrregión SEP; Tabla S2) (Millán et al., 2022).

Las técnicas de extracción utilizadas (Dabney et al., 2013; Rohland & Hofreiter, 2007) muestran diferencias en la eficacia de recuperación del material genético. Esto permite tomar decisiones fundamentadas sobre su aplicación: una utilización conjunta de ambos métodos permitiría recuperar un espectro más amplio de longitudes de fragmentos, mientras que la elección de uno u otro método podría regirse según los requisitos de cada muestra. En este sentido, se ha demostrado que el método propuesto por Dabney et al. (2013) es más adecuado para recuperar fragmentos más cortos, mientras que el método propuesto por Rohland & Hofreiter (2007) es más efectivo para fragmentos más largos.

El método de captura mitocondrial demostró ser especialmente útil para los análisis propuestos en esta tesis. De hecho, en algunos casos se decidió implementar este método, sin realizar el screening previo por *shotgun*, obteniendo buenos resultados. Por lo tanto, se considera factible implementar este método directamente para reducir los costos de secuenciación.

9.2 Análisis interregionales

En líneas generales se observó una variabilidad interna alta para los cuatro (4) clados analizados (B2, C1b, C1c y D1g) medida en términos de cantidad de haplotipos únicos observados (Tabla 5). Sorpresivamente, no solo se halló un porcentaje alto de individuos con linajes asignados al clado B2, sino que este resultó tener una diversidad haplotípica alta $1,000 \pm 0,063$ (8 de 8 haplotipos fueron únicos). Por otro lado, la diversidad interpretada como la cantidad de sub-haplogrupos en los cuales se conglomeran los individuos analizados en el presente estudio, por otro lado, resultó ser, en términos generales, baja, agrupándose la

mayoría de los individuos en dos clados (C1c11g y C1c11i para C1c; B2b y B1ak para B2; D1g5 y D1g7 para D1g). Solo en el caso de C1b, las muestras se conglomeraron en tres clados diferentes (C1b32, C1b33 y C1b35). D1g5 resultó ser el clado con más haplotipos compartidos con individuos de diferentes temporalidades y regiones, demostrando una continuidad temporal de sus linajes, algunos incluso, contemporáneos. Dado el amplio rango temporal y la relativa alta cantidad de individuos analizados (N = 48), en líneas generales, lo que se observa es una tendencia a acumular mutaciones dentro de un mismo linaje ancestral y a diversificarse dentro de este (p. ej. C1b35 y D1g5a en Figura 14 y 16, respectivamente).

Por otro lado, bajo la hipótesis 1 era esperable la ausencia del haplogrupo A2 y B2 (veáse el capítulo 3). Con relación al último de ellos y como fue mencionado, se refuta la hipótesis de una frecuencia baja o ausencia del linaje. Por su parte, la baja frecuencia de A2 es algo extensamente reportado en los estudios genéticos de poblaciones cosmopolitas de la Patagonia y, generalmente, su presencia se explica por patrones migratorios desde regiones o países donde el clado A2 se encuentra en frecuencias altas como el norte de Argentina, Paraguay, el sudeste de Bolivia y sur y sureste de Brasil (Altuna & Demarchi, 2003; Bravi, 2005). Es posible afirmar esta correlación gracias a los análisis genealógicos de los donantes que participan voluntariamente de estos estudios (Parolin, Toscanini, et al., 2019; Tamburrini et al., 2021). La ausencia virtual de este clado en poblaciones antiguas de la Patagonia central en particular y de la región Patagónica en general (a excepción de un individuo hallado en Río Negro y fechado en 689 ± 44 años AP; (Crespo, Favier Dubois, et al., 2017), permite adherir a la hipótesis de que el linaje no se hallaba entre los primeros pobladores que habitaron la región (Lalueza-Fox et al., 1997).

Otro de los linajes virtualmente ausente en la muestra poblacional estudiada fue D1j. Junto con D1g, este clado fue inicialmente propuesto como un linaje fundador de Patagonia, con una ruta de dispersión por costa pacífica y una posterior incubación y migración trasandina, principalmente por debajo del paralelo 33° sur (Bodner et al., 2012). Sin embargo, su hallazgo en el centro del país con relativa alta frecuencia y su origen más tardío junto con el reciente hallazgo del haplogrupo en un individuo fechado en 8971 ± 77 en el sitio Laguna de los Pampas (región pampeana) ha llevado a proponer un origen diferente para D1j respecto de D1g, constituyendo el centro de Argentina como lugar de origen y posterior diversificación y distribución hacia la Patagonia (Crespo, Favier Dubois, et al., 2017; García et al., 2021; Postillone, Martínez, et al., 2020). Sin embargo, la ausencia de este clado en el Nordeste de la Patagonia central dificulta el entendimiento de las posibles rutas dispersivas que podría haber tomado este linaje.

La ausencia de D1j junto con la de C1b13, en una muestra poblacional relativamente significativa en términos de número de individuos antiguos analizados ($N = 48$), sumado a ciertos clados que parecerían restringirse al área bajo estudio en esta tesis (véase p.ej. C1b22, C1c11g y D1g7 en Figuras 14, 15 y 16, respectivamente) permite interpretar que la población bajo estudio muestra particularidades genéticas propias. Sin embargo, la ausencia de estos clados debido a un sesgo de muestreo no puede descartarse, más aún cuando la presencia de algunos de ellos (A2 y D1j) ha sido, recientemente, reportada en individuos antiguos recuperados de regiones que parecerían tener una historia compartida en términos de relaciones genéticas con la sub-región aquí estudiada (véase p. ej. B2ak1a y C1b20 en Figuras 13 y 14, respectivamente) y haplotipos compartidos (p. ej. Individuos A07 y 116; # 21 y 22 Figura 16). En este sentido, se refuta la observación de García et al. (2021) sobre la ausencia de conexión entre la región central del país y la región patagónica. Los análisis aquí presentados responden a patrones de relaciones complejas con haplotipos compartidos entre ambas regiones. Tal es el caso de los ya mencionados individuos A07 y 116 asignados al clado D1g5a1; LTM42 (#29) y AEH154 (#30) asignados a D1g5a2a y LTM18 (#37) y M92 (#36) cuyos haplotipos son compartidos por otros cinco (5) individuos asignados a D1g5a2a1 (Figura 16). El flujo genético entre ambas regiones puede también inferirse por individuos que, si bien no comparten el mismo haplotipo, se diferencian solo por unos pocos polimorfismos (p. ej. #31 y #32 Figura 16) y por individuos de la región central del país portadores de un haplotipo hallado en un individuo de la región Patagonia central que parecería ser ancestral (véase B2ak1a; Figura 13).

El análisis interregional presentado, también permite inferir clados aparentemente característicos de cada región aquí delimitada, como los ya mencionados C1b22, C1c11g y D1g7 para Patagonia central, C1b23 para la región pampeana; y C1b21 para Patagonia insular. En acuerdo con lo presentado por otros autores (García et al., 2021; Roca-Rada et al., 2021), se observaron haplotipos ancestrales para los clados C1b y D1g5 en individuos recuperados del sitio Arroyo Seco ubicado en la región pampeana (individuos ASO_S49 y ASO_B10_S15, respectivamente; Figura 14, #1 y Figura 16, #15). Sin embargo, basarse en un número reducido de individuos analizados y afirmar que la presencia de estos en el área demuestran el origen local del clado es arriesgado y soslayaría el carácter dinámico de las poblaciones y su capacidad de migrar.

La relativa baja frecuencia de D1g5 en poblaciones ancestrales de la región Centro y Pampa del país (García et al., 2021; Nores et al., 2022; Roca-Rada et al., 2021), junto con la observación de su alta frecuencia y amplia diversidad interna en la región patagónica a ambos lados de la cordillera, permite adherir a la hipótesis de Bodner et al. (2012) sobre un origen

común con migraciones trasandinas y posterior diversificación *in situ* y dispersión hacia latitudes de Patagonia centro-sur para este clado, soportados por los individuos portadores de las variantes T16189C, T16209C y C16250T publicados por Arencibia et al. (2019), el individuo Cerro Observación por Motti et al. (2019) y por las muestras que conforman el clado aquí definido como D1g5b publicados por Nakatsuka et al. (2020). Sin embargo, como fue mencionado, los individuos reportados por Arencibia et al. (2019) y Motti et al. (2019) requieren de mayor resolución para poder afirmar esta suposición y será necesario aumentar el número de individuos ancestrales analizados a ambos lados de la cordillera para poder dilucidar la temporalidad y el sentido de la(s) migración(es).

9.3 Análisis sub y micro-regional

En cuanto a la variación de la diversidad genética entre las microrregiones definidas en la Patagonia central y las variaciones en la composición genética a lo largo del tiempo, los análisis realizados para evaluar estos aspectos indican que, al menos para el periodo temporal abarcado y con relación a los linajes maternos, se podría considerar a los individuos analizados como pertenecientes a una única población con dinámicas poblacionales que reflejan lo observado mediante aproximaciones arqueológicas (Figura 18b).

Sin embargo, es necesario resaltar que los resultados obtenidos se basan en el análisis de ADNmt y, por lo tanto, las conclusiones reflejan únicamente las dinámicas poblacionales de los linajes maternos. Para obtener una comprensión completa y precisa de las dinámicas poblacionales de la sub-región bajo estudio, será necesario incluir el análisis del ADN nuclear. La inclusión de este tipo de información complementará y enriquecerá los resultados obtenidos hasta el momento, proporcionando información sobre el mestizaje de la población bajo estudio y permitiendo una evaluación más precisa de las interacciones genéticas de los individuos que poblaron esta sub-región patagónica. Estos análisis adicionales, que se proyecta continuar en un futuro cercano, ayudarán a profundizar nuestra comprensión de las dinámicas poblacionales y ofrecerán una perspectiva más completa de la historia evolutiva de las poblaciones cazadoras-recolectoras de Patagonia central durante el Holoceno.

9.4 Devolución de los resultados

La devolución de los resultados a las comunidades de pertenencia llevada a cabo a través del primer taller (véase capítulo 8 y los apéndices allí citados), evidenció un interés generalizado de los asistentes pertenecientes a diferentes comunidades originarias de la provincia respecto a los estudios genéticos. Principalmente su interés se identifica con la necesidad e importancia de difundir la información transmitida en el taller a diferentes ámbitos sociales, entre los que se destacó el ámbito de turismo y educativo, con la finalidad de educar docentes y futuros

docentes para descolonizar el pensamiento (Tamburrini, Romero Saihueque et al., 2023; Apéndice B). Asimismo, indagando sobre la importancia que reviste los estudios genéticos sobre poblaciones ancestrales, los miembros de las comunidades destacaron el aporte de los estudios al conocimiento y reconstrucción de historias familiares a través de la genealogía genética materna, y la contribución al conocimiento del pasado de sus ancestros, aunque, como bien dijeron en el taller, sin centrarlo únicamente en lo genético. Asimismo, se evidenció una tendencia a la creencia del uso de los información genética como herramienta para defender derechos fundamentados de las comunidades así como “contrarrestar la visión racista,” a la vez que menciona que esa clase de estudios podría contribuir a que “el Estado reconozca la existencia de los pueblos originarios.” En este punto, y tal como fue resaltado en Tamburrini, Romero Saihueque et al. (2023), es importante no sobrevalorar ni sobrevenir los alcances de los estudios genéticos.

BIBLIOGRAFÍA

- Achilli, A., Perego, U. A., Bravi, C. M., Coble, M. D., Kong, Q.-P., Woodward, S. R., Salas, A., Torroni, A., & Bandelt, H.-J. (2008). The phylogeny of the four pan-American MtDNA haplogroups: Implications for evolutionary and disease studies. *PLoS One*, 3(3), e1764. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001764>
- Aguerre, A. M., Andrieu, J. M., & Iantanos, N. (2017). Arqueología en Río Mayo, sudoeste del Chubut. Excavación en el Alero Dásovich: Resultados preliminares. *Intersecciones en antropología*, 18(1), 55-65. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=179552443005>
- Altuna, M. E., & Demarchi, D. A. (2003). Haplogrupos mitocondriales entre los mbya-guaraní de la provincia de Misiones. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 5(1), 115. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/5803>
- Anderson, D. G., & Gillam, C. J. (2000). Paleoindian colonization of the Americas: Implications from an examination of physiography, demography, and artifact distribution. *American Antiquity*, 65(1), 43-66. <https://doi.org/10.2307/2694807>
- Anderson, S., Bankier, A. T., Barrell, B. G., de Bruijn, M. H., Coulson, A. R., Drouin, J., Eperon, I. C., Nierlich, D. P., Roe, B. A., & Sanger, F. (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290(5806), 457-465. <https://doi.org/10.1038/290457a0>
- Andrews, R. M., Kubacka, I., Chinnery, P. F., Lightowlers, R. N., Turnbull, D. M., & Howell, N. (1999). Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature genetics*, 23(2), 147-147. <https://doi.org/10.1038/13779>
- Arencibia, V., Crespo, C., Guraieb, S. G., Russo, M. G., Dejean, C. B., & 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., Fleskes, R., Zilio, L., Avena, S., Guraieb, S., Lia, V., Cabana, G., & Dejean, C. (2022). Population dynamics of Patagonian groups during the late Holocene: Contributions from ancient mitochondrial genomes from the northern coast of Santa Cruz (Argentina). *16th Meeting of the Latin American Association of Biological Anthropology*. 16th Meeting of the Latin American Association of Biological Anthropology, São Paulo, Brazil. https://www.researchgate.net/publication/364950343_Dinamica_poblacional_de_grupos_patagonicos_durante_el_Holoceno_tardio_aportes_a_traves_de_genomas_mitocondriales_antiguos_de_la_costa_norte_de_Santa_Cruz_Argentina_Population_dynamics_of_Patagonian_gr

- Arencibia, V., Muñoz Hidalgo, M. G., Crespo, C. M., Russo, M. G., Vera, P., Lia, V. V., ... & Dejean, C. B. (2023). Nuevos mitogenomas B2 del Holoceno Tardío del sur de la Patagonia Continental: Nuevos hallazgos sobre el poblamiento del Cono Sur. *American Journal of Biological Anthropology*, 8, 1-14. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24822>
- Arias, L., Barbieri, C., Barreto, G., Stoneking, M., & Pakendorf, B. (2018). High-resolution mitochondrial DNA analysis sheds light on human diversity, cultural interactions, and population mobility in Northwestern Amazonia. *American journal of physical anthropology*, 165(2), 238-255. <https://doi.org/10.1002/ajpa.23345>
- Arrigoni, G. I., Andrieu, M., & Bañados, C. (2008). Arqueología de cazadores-recolectores prehistóricos en la costa central del Golfo San Jorge. En I. Cruz & M. S. Caracotche (Eds.), *Arqueología de la Costa Patagónica. Perspectivas para la conservación* (pp. 91-107). Universidad Nacional de la Patagonia Austral - Subsecretaría de Cultura de la Provincia de Santa Cruz. https://www.academia.edu/6184768/Arqueolog%C3%ADa_de_la_costa_patag%C3%B3nica_Perspectivas_para_la_conservaci%C3%B3n
- Aschero, C. A., Bozzuto, D., Civalero, M. T., De Nigris, M., Di Vruno, A., Dolce, V., Fernández, N., González, L., & Sacchi, M. (2007). Nuevas evidencias sobre las ocupaciones tempranas en Cerro Casa de Piedra 7. En F. Morello, M. Martinic, A. Prieto, & G. Bahamonde (Eds.), *Arqueología de Fuego-Patagonia. Levantando piedras, desenterrando huesos y develando arcanos* (pp. 569-576). CEQUA. https://www.academia.edu/7197618/Nuevas_evidencias_sobre_las_ocupaciones_tempranas_en_Cerro_Casa_de_Piedra_7
- Avila, E., Speransa, P. A., Lindholz, C. G., Kahmann, A., & Alho, C. S. (2022). Haplotype distribution in a forensic full mtDNA genome database of admixed Southern Brazilians and its association with self-declared ancestry and pigmentation traits. *Forensic Science International: Genetics*, 57, 102650. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102650>
- Ávila-Arcos, M. C., de la Fuente Castro, C., Nieves-Colón, M. A., & Raghavan, M. (2022). Recommendations for sustainable ancient DNA research in the Global South: Voices from a new generation of paleogenomicists. *Frontiers in Genetics*, 13(880170), 1-8. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.880170>
- Balentine, C. M., Alfonso-Durruty, M., Reynolds, A. W., Vilar, M., Morello, F., Román, M. S., Springs, L. C., Smith, R. W., Archer, S. M., Mata-Míguez, J., Wing, N., & 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., & 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., Macaulay, V., & Richards, D. M. (Eds.). (2006). *Human mitochondrial DNA and the evolution of Homo sapiens* (Vol. 18). Springer. <https://doi.org/10.1007/3-540-31789-9>
- Bandieri, S. (2005). *Cruzando la cordillera: La frontera argentino-chilena como espacio social*.
- Bandieri, S. (2009). Historia de la Patagonia (2.a ed.). Sudamericana. <https://larepublicadeloslibros.wordpress.com/2019/01/18/bandieri/>
- Banegas, A., Bonomo, M., & Gómez Otero, J. (2018). Bipolar flaking as a component of a supraregional lithic resource base: A comparative study of cores from the Pampean and Northcentral Patagonian Atlantic coasts (Argentina). *Journal of Lithic Studies*, 5(2). <https://doi.org/10.2218/jls.2832>
- Banegas, A., Gómez Otero, J., Goye, S., & Ratto, N. (2014). Cabezales líticos del Holoceno tardío en Patagonia meridional: Diseños y asignación funcional. *Magallania (Punta Arenas)*, 42(2), 155-174. <https://doi.org/10.4067/S0718-22442014000200009>
- Banegas, A., Gómez Otero, J., & Pérez, A. E. (2020). Circulación y uso de obsidias en la costa norte del golfo San Jorge (provincia de Chubut, Argentina) durante el Holoceno tardío: Primeros resultados. *Arqueología*, 27(1), 193-206. <https://doi.org/10.34096/arqueologia.t27.n1.7652>
- Banegas, A., & Goye, M. S. (2015). Spatial and temporal variability in the use of lithic raw materials for flaked stone technology in northeast Chubut Province (North Patagonia) during the Late Holocene. *Quaternary International*, 373, 55-62. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2014.12.008>
- Banegas, A., Pujana, R., & Gómez Otero, J. (2016). Caracterización tecnológica de xilópalos de la costa centro-septentrional de Patagonia: Tendencias temporales y potenciales fuentes de aprovisionamiento. En F. Mena (Ed.), *Arqueología de la Patagonia: De mar a mar. Libro de Resúmenes del las IX Jornadas de Arqueología de la Patagonia* (Ediciones CIEP, Vol. 14, pp. 401-410). https://www.academia.edu/42607599/Caracterizaci%C3%B3n_tecnol%C3%B3gica_de_xil%C3%B3palos_de_la_costa_centro_septentrional_de_Patagonia_tendencias_temporales_y_potenciales_fuentes_de_aprovisionamiento
- Barberena, R., McDonald, J., Mitchell, P. J., & Veth, P. (2017). Archaeological discontinuities in the southern hemisphere: A working agenda. *Journal of Anthropological Archaeology*, 46, 1-11. <https://doi.org/10.1016/j.jaa.2016.08.007>

- Bardill, J., Bader, A. C., Nanibaa'A, G., Bolnick, D. A., Raff, J. A., Walker, A., & Malhi, R. S. (2018). Advancing the ethics of paleogenomics. *Science*, 360(6387), 384-385. <https://doi.org/10.1126/science.aaq1131>
- Bernal, V., Pérez, I. S., Gonzalez, P. N., Sardi, M. L., & Pucciarelli, H. M. (2010). Spatial patterns and evolutionary processes in southern South America: A study of dental morphometric variation. *American Journal of Physical Anthropology*, 142(1), 95-104. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21206>
- Bianchi Villelli, M., & Buscaglia, S. (2015). De gestas, de salvajes y de mártires. El relato maestro sobre el Fuerte San José reconsiderado desde la arqueología histórica (Península Valdés, Pcia. De Chubut, siglo XVIII). *Revista del Museo de Antropología*, 8(1), 187-200. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1852-48262015000100016&lng=es&nrm=iso&tlng=es
- Birney, E., Inouye, M., Raff, J., Rutherford, A., & Scally, A. (2021). The language of race, ethnicity, and ancestry in human genetic research. *arXiv preprint arXiv:2106.10041*. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2106.10041>
- Blanchard, J. W., Outram, S., Tallbull, G., & Royal, C. D. M. (2019). "We don't need a swab in our mouth to prove who we are" Identity, resistance, and adaptation of genetic ancestry testing among Native American communities. *Current anthropology*, 60(5), 637-655. <https://doi.org/10.1086/705483>
- Briones, C. (2008). Aboriginalidad y nación. En J. C. Tealdi (Ed.), *Diccionario latinoamericano de bioética* (pp. 30-31). UNESCO: Red Latinoamericana y del Caribe de Bioética. Universidad Nacional de Colombia. <https://unesdoc.unesco.org/ark:/48223/pf0000161848>
- Bobillo, M. C., Zimmermann, B., Sala, A., Huber, G., Röck, A., Bandelt, H.-J., Corach, D., & 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. (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>
- Borrero, L. A. (2001). *El poblamiento de la Patagonia: Toldos, milodones y volcanes* (1st ed.). Emecé Editores S.A. <http://www.memoriachilena.gob.cl/602/w3-article-49443.html>
- Borrero, L. A., & Martin, F. M. (2018). Archaeological discontinuity in Ultima Esperanza: A supra-regional overview. *Quaternary International*, 473(part B), 290-305. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2017.06.071>

- Borrero, L. A., & Miotti, L. L. (2007). La tercera esfinge indiana: La edad del poblamiento de Argentina. *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología*, 32, 55-74. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/21026>
- Bouckaert, R., Vaughan, T. G., Barido-Sottani, J., Duchêne, S., Fourment, M., Gavryushkina, A., Heled, J., Jones, G., Kühnert, D., & De Maio, N. (2019). BEAST 2.5: An advanced software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS computational biology*, 15(4), e1006650. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1006650>
- Bouza, P., Bilmes, A., del Valle, H., & Rostagno, C. M. (2017). Late Cenozoic landforms and landscape evolution of Península Valdés. En P. Bouza & A. Bilmes (Eds.), *Late Cenozoic of Península Valdés, Patagonia, Argentina: An Interdisciplinary Approach* (1.^a ed., Vol. 1, pp. 105-129). Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-48508-9_5
- Brandini, S., Bergamaschi, P., Cerna, M. F., Gandini, F., Bastaroli, F., Bertolini, E., Cereda, C., Ferretti, L., Gómez-Carballa, A., Battaglia, V., & Torroni, A. (2017). The Paleo-Indian entry into South America according to mitogenomes. *Molecular biology and evolution*, 35(2), 299-311. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx267>
- Bravi, C. M. (2005). *Análisis de linajes maternos en poblaciones indígenas americanas* [PhD Thesis, Universidad Nacional de La Plata]. <http://naturalis.fcnyu.unlp.edu.ar/id/20120126000073>
- Bravi, C. M., Motti, J. M. B., Beltramo, J., Schwab, M., Rodríguez Golpe, D., & Aquilano, E. (2022). The devil is in the details. *American Journal of Biological Anthropology*. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24627>
- Brook, G. A., Franco, N. V., Ambrústolo, P., Mancini, M. V., Wang, L., & Fernández, P. M. (2015). Evidence of the earliest humans in the Southern Deseado Massif (Patagonia, Argentina), Mylodontidae, and changes in water availability. *Quaternary International*, 363, 107-125. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2014.04.022>
- Brown, W. M., George, M., & Wilson, A. C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76(4), 1967-1971. <https://doi.org/10.1073/pnas.76.4.1967>
- Buscaglia, S., Bianchi Vilelli, M., Starópoli, L. L., Bosoni, C., Carelli, S., & Alberti, J. (2012). Arqueología histórica en península Valdés. Primeros abordajes históricos y arqueológicos al fuerte San José (1779-1810). *Revista de Arqueología Histórica Argentina y Latinoamericana*, 6, 11-43. <https://www.jstor.org/stable/24399956>
- Cann, R. L., Stoneking, M., & Wilson, A. C. (1987). Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 325(6099), 31-36. http://courses.washington.edu/b581/papers_2013/Cann.pdf
- Capodiferro, M. R., Aram, B., Raveane, A., Migliore, N. R., Colombo, G., Ongaro, L., Rivera, J., Mendizábal, T., Hernández-Mora, I., & Tribaldos, M. (2021). Archaeogenomic

- distinctiveness of the Isthmo-Colombian area. *Cell*, 184(7), 1706-1723.
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.02.040>
- Carnese, F. R., Cocilovo, J. A., & Goicoechea, A. S. (1991). Análisis histórico y estado actual de la antropología biológica en la Argentina. *Runa*, 20(1), 35-67.
<https://doi.org/10.34096/runa.v20i1.2314>
- Carnese, F. R., Mendisco, F., Keyser, C., Dejean, C. B., Dugoujon, J.-M., Bravi, C. M., Ludes, B., & Crubézy, E. (2010). Paleogenetical study of pre-Columbian samples from Pampa Grande (Salta, Argentina). *American journal of physical anthropology*, 141(3), 452-462.
<https://doi.org/10.1002/ajpa.21165>
- Carnese, F. R., & Pucciarelli, H. M. (2007). Investigaciones antropobiológicas en Argentina, desde la década de 1930 hasta la actualidad. *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología*, 32. <https://core.ac.uk/download/pdf/15777841.pdf>
- Cavalli-Sforza, L. L. (2005). The human genome diversity project: Past, present and future. *Nature Reviews Genetics*, 6(4), 333-340. <https://doi.org/10.1038/nrg1596>
- Chinnery, P. F. (2006). Mitochondrial DNA in Homo sapiens. En H.-J. Bandelt, V. Macaulay, & M. Richards (Eds.), *Human Mitochondrial DNA and the Evolution of Homo sapiens* (Vol. 18, pp. 3-15). Springer. https://doi.org/10.1007/3-540-31789-9_1
- Claw, K. G., Anderson, M. Z., Begay, R. L., Tsosie, K. S., Fox, K., & Nanibaa'A, G. (2018). A framework for enhancing ethical genomic research with Indigenous communities. *Nature communications*, 9(2957), 1-7. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-05188-3>
- Cortez, A. D., Bolnick, D. A., Nicholas, G., Bardill, J., & Colwell, C. (2021). An ethical crisis in ancient DNA research: Insights from the Chaco Canyon controversy as a case study. *Journal of Social Archaeology*, 21(2), 157-178.
<https://doi.org/10.1177/1469605321991600>
- Crespo, C. M., Cardozo, D. G., Tessone, A., Vázquez, M., Kisielinski, C., Arencibia, V., Tackney, J., Zangrando, A. F., & 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/doi.org/10.1002/ajpa.24107>
- Crespo, C. M., Dejean, C. B., Postillone, M. B., Lanata, J. L., & Carnese, F. R. (2010). Historias en código genético: Los aportes de los estudios de ADN antiguo en antropología y sus implicancias éticas. *Runa*, 31(2), 153-174. <https://doi.org/10.34096/runa.v31i2.752>
- Crespo, C. M., Favier Dubois, C. M., Russo, M. G., Lanata, J. L., & Dejean, C. B. (2017). First analysis of ancient mtDNA genetic diversity in Northern coast of Argentinean Patagonia. *Journal of Archaeological Science: Reports*, 12, 91-98.
<https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2017.01.011>

- Crespo, C. M., Lanata, J. L., Cardozo, D. G., Avena, S. A., & Dejean, C. B. (2018). Ancient maternal lineages in hunter-gatherer groups of Argentinean Patagonia. Settlement, population continuity and divergence. *Journal of Archaeological Science: Reports*, *18*, 689-695. <https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2017.11.003>
- Crespo, C. M., Russo, M. G., Hajduk, A., Lanata, J. L., & Dejean, C. B. (2017). Variabilidad mitocondrial en muestras pre-colombinas de la Patagonia argentina: Hacia una visión de su poblamiento desde el ADN antiguo. *Revista argentina de antropología biológica*, *19*(1), 1-21. <https://doi.org/10.17139/raab.19.1.21>
- Crognier, E. (1989). *Concepciones y estrategias de la Antropología Biológica en Europa Occidental desde 1945*. Ms.
- Cruz, P. (2017). Los unos en los otros. Reflexiones sobre la identidad y la otredad en los estudios sobre el pasado. *Texto Antropológicos*, *18*(1), 109-122. <https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/63269>
- Dabney, J., Knapp, M., Glocke, I., Gansauge, M.-T., Weihmann, A., Nickel, B., Valdiosera, C., García, N., Pääbo, S., Arsuaga, J.-L., & Meyer, M. (2013). Complete mitochondrial genome sequence of a Middle Pleistocene cave bear reconstructed from ultrashort DNA fragments. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *110*(39), 15758-15763. <https://doi.org/10.1073/pnas.1314445110>
- Danecek, P., Bonfield, J. K., Liddle, J., Marshall, J., Ohan, V., Pollard, M. O., Whitwham, A., Keane, T., McCarthy, S. A., & Davies, R. M. (2021). Twelve years of SAMtools and BCFtools. *Gigascience*, *10*(2), giab008. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giab008>
- de la Fuente, C., Ávila-Arcos, M. C., Galimany, J., Carpenter, M. L., Homburger, J. R., Blanco, A., Contreras, P., Dávalos, D. C., Reyes, O., & San Roman, M. (2018). Genomic insights into the origin and diversification of late maritime hunter-gatherers from the Chilean Patagonia. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *115*(17), E4006-E4012. <https://doi.org/10.1073/pnas.1715688115>
- de la Fuente, C., Galimany, J., Kemp, B. M., Judd, K., Reyes, O., & Moraga, M. (2015). Ancient marine hunter-gatherers from Patagonia and Tierra Del Fuego: Diversity and differentiation using uniparentally inherited genetic markers. *American journal of physical anthropology*, *158*(4), 719-729. <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., & 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>
- de Saint Pierre, M., Gandini, F., Perego, U. A., Bodner, M., Gómez-Carballa, A., Corach, D., Angerhofer, N., Woodward, S. R., Semino, O., & Salas, A. (2012). Arrival of Paleo-

- Indians to the southern cone of South America: New clues from mitogenomes. *PloS one*, 7(12), e51311. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0051311>
- Dejean, C. B., Crespo, C. M., Carnese, F. R., & Lanata, J. L. (2014). Ancient DNA research, scope and limitations. First genetic analysis in museum samples from San Julian, Santa Cruz, Argentina. *Physical, chemical and biological markers in Argentine archaeology: theory, methods and applications. Oxford: British Archaeological Reports. Archaeopress.* p, 53-62. https://www.researchgate.net/publication/269110023_Ancient_DNA_research_scope_and_limitations_First_genetic_analysis_in_museum_samples_from_San_Julian_Santa_Cruz_Argentina
- Di Fabio Rocca, F., Russo, M. G., Arencibia, V., & Seldes, V. (2021). Ancient DNA studies: Use of ethnonyms and collaborative research in South America. *Journal of Anthropological Archaeology*, 61, 101265. <https://doi.org/10.1016/j.jaa.2020.101265>
- Dillehay, T. D., Ocampo, C., Saavedra, J., Sawakuchi, A. O., Vega, R. M., Pino, M., Collins, M. B., Cummings, L. S., Arregui, I., & Villagran, X. S. (2015). New archaeological evidence for an early human presence at Monte Verde, Chile. *PloS one*, 10(11), e0141923. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0141923>
- Dillehay, T. D., & Pino, M. (1997). Radiocarbon chronology. En T. D. Dillehay (Ed.), *Monte Verde: A Late Pleistocene Settlement in Chile. The Archaeological Context and Interpretation* (Vol. 2, pp. 41-52). Smithsonian Institution.
- Dobzhansky, T. (1955). A review of some fundamental concepts and problems of population genetics. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 20, 1-15. <https://doi.org/10.1101/SQB.1955.020.01.003>
- Drummond, A. J., Rambaut, A., Shapiro, B., & Pybus, O. G. (2005). Bayesian coalescent inference of past population dynamics from molecular sequences. *Molecular biology and evolution*, 22(5), 1185-1192. <https://doi.org/10.1093/molbev/msi103>
- Favier Dubois, C. M., Borella, Florencia, & Cardillo, M. (2017). Cronologías de ocupación en la costa oeste del golfo San Matías (Río Negro): Factores geomorfológicos involucrados. *X Jornadas de Arqueología de la Patagonia: libro de resúmenes*, 34.
- Favier Dubois, C. M., Kokot, R., Scartascini, F., & Borella, F. (2016). Una perspectiva geoarqueológica del registro de ocupaciones humanas en el Golfo San Matías (Río Negro, Argentina). *Intersecciones en antropología*, 4(2), 47-59. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1850-373X2016000400005
- Felsenstein, J. (1981). Evolutionary trees from DNA sequences: A maximum likelihood approach. *Journal of molecular evolution*, 17, 368-376. <https://doi.org/10.1007/BF01734359>

- Fernández, J., & Panarello, H. (2001). Cazadores-recolectores del Holoceno Medio y Superior de la Cueva Haichol, región cordillerana central del Neuquén, República Argentina. *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología*, 26, 9-30. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=8657417>
- Figueiro, G., Mut, P., Ale, L., Flores-Gutiérrez, S., Greif, G., Hidalgo, P. C., Luna, S. L., Ackermann, E., Negro, R. G., Spangenberg, L., Naya, H., & Sans, M. (2022). Filogeografía de mitogenomas indígenas de Uruguay. *Revista argentina de antropología biológica*, 24(1). <http://dx.doi.org/10.24215/18536387e042>
- Fisher, R. A. (1962). 291: Confidence Limits for a Cross-Product Ratio. 4(1), 41. <https://doi.org/10.1111/j.1467-842X.1962.tb00285.x>
- Fleskes, R. E., Bader, A. C., Tsosie, K. S., Wagner, J. K., Claw, K. G., & Garrison, N. (2022). Ethical Guidance in Human Paleogenomics: New and Ongoing Perspectives. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 23(15), 15.1-15.26. <https://doi.org/10.1146/annurev-genom-120621-090239>
- Ford, E. B. (1945). Polymorphism. *Biological Reviews*, 20(2), 73-88. <https://doi.org/10.1111/j.1469-185X.1945.tb00315.x>
- Forster, P., Harding, R., Torroni, A., & Bandelt, H.J. (1996). Origin and evolution of Native American mtDNA variation: A reappraisal. *The American Journal of Human Genetics*. 59(4), 935-945. PMID: 8808611; PMCID: PMC1914796. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1914796/>
- Franco, N. V., Ambrústolo, P., Acevedo, A., Cirigliano, N. A., & Vommaro, M. (2013). Prospecciones en el sur del Macizo del Deseado (Provincia de Santa Cruz, Argentina). Los casos de La Gruta y Viuda Quenzana. En A. F. Zangrando, R. Barberena, A. F. Gil, G. A. Neme, M. A. Giardina, L. Luna, C. Otaola, S. Paulides, L. Salgan, & A. Tivoli (Eds.), *Tendencias teórico-metodológicas y casos de estudio en la Arqueología de la Patagonia* (pp. 371-378). Museo de Historia Natural de San Rafael. http://naturalis.fcnym.unlp.edu.ar/repositorio/_documentos/sipcyt/bfa006278.pdf
- Franco, N. V., & Borrero, L. A. (2003). Chorrillo Malo 2: Initial peopling of the upper Santa Cruz basin, Argentina. En R. Bonnichsen, L. Miotti, M. Salemme, & N. Flegenheimer (Eds.), *Where the south winds blow. Ancient evidence of Paleo South Americans* (pp. 149-152). https://www.researchgate.net/publication/283691823_Chorrillo_Malo_2_initial_peopling_of_the_Upper_Santa_Cruz_Basin
- Franco, N. V., Galimany, J., Moraga, M., & Borrero, L. A. (2017). La integración de información cultural y genética en el sur de la cuenca superior del río Santa Cruz: Primeros resultados. *Libro de Resúmenes de las X Jornadas de Arqueología de la Patagonia*, 15.

- Fulton, T. L., & Shapiro, B. (2019). Setting up an ancient DNA laboratory. En B. Shapiro, A. Barlow, P. D. Heintzman, M. Hofreiter, J. L. A. Paijmans, & A. E. R. Soares (Eds.), *Ancient DNA: methods and protocols* (2.^a ed., Vol. 1963, pp. 1-13). Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9176-1_1
- Futuyma, D. J. (2005). *Evolution*. State University of New York. https://www.academia.edu/13896710/_Douglas_J_Futuyma_Evolution_Book_ZZ_org
-
- Galimany, J., Parolin, M. L., Gómez Otero, J., Dahinten, S. L., Millán, A. G., & Moraga, M. (2017). Primeras secuencias mitocondriales de la Región Control en muestras arqueológicas de la costa centro-norte de Patagonia argentina (2400-770 AP). En X Jornadas de Arqueología de la Patagonia. Libro de resúmenes (1.a ed., p. 97).
- 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., & 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>
- García, A., Pauro, M., Bailliet, G., Bravi, C. M., & 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. <https://doi.org/10.1038/s10038-017-0406-7>
- García-Bour, J., Pérez-Pérez, A., Álvarez, S., Fernández, E., López-Parra, A. M., Arroyo-Pardo, E., & Turbón, D. (2004). Early population differentiation in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia: Ancient mtDNA sequences and Y-Chromosome STR characterization. *American journal of physical anthropology*, 123(4), 361-370. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15022364/>
- García-Guraieb, S., Goñi, R., & Tessone, A. (2015). Paleodemography of Late Holocene hunter-gatherers from Patagonia (Santa Cruz, Argentina): An approach using multiple archaeological and bioarchaeological indicators. *Quaternary International*, 356, 147-158. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2014.09.054>
- Gibbon, S. (2008). Genetics and Society: An Introduction. En S. Gibbon & C. Novas (Eds.), *Biosocialities, genetics and the social sciences: Making biologies and identities* (1.^a ed., pp. 1-22). Routledge New York. <https://doi.org/10.4324/9780203945940>
- Gilmour, J. S., & Gregor, J. W. (1939). Demes: A suggested new terminology. *Nature*, 144(1), 333. <https://doi.org/doi.org/10.1038/144333a0>
- Goldberg, A., Mychajliw, A. M., & Hadly, E. A. (2016). Post-invasion demography of prehistoric humans in South America. *Nature*, 532(7598), 232-235. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27049941/>

- Gómez Otero, J. (2003). Movilidad y contactos en la costa centro-norte de Patagonia argentina en tiempos pre y posthispánicos. En R. J. Mandrini & C. D. Paz (Eds.), *Las fronteras hispanocriollas del mundo indígena latinoamericano en los siglos XVIII-XIX. Un estudio comparativo* (pp. 287-312). Instituto de Estudios Histórico-Sociales (IEHS), Departamento de Humanidades de la Universidad Nacional del Sur y el Centro de Estudios de Historia Regional y Relaciones Fronterizas (CEHIR). https://www.academia.edu/1887325/Las_Fronteras_Hispanocriollas_del_Mundo_Indigena_Latinoamericano_en_los_Siglos_XVIII_XIX_Un_estudio_comparativo
- Gómez Otero, J. (2006). *Dieta, uso del espacio y evolución en poblaciones cazadoras-recolectoras de la costa centro-septentrional de Patagonia durante el Holoceno medio y tardío* [PhD Thesis, Universidad de Buenos Aires]. <http://repositorio.filo.uba.ar/handle/filodigital/1274>
- Gómez Otero, J. (2007). Isótopos estables, dieta y uso del espacio en la costa atlántica centro-septentrional y el valle inferior del río Chubut (Patagonia, Argentina). En F. Morello, M. Martinic, A. Prieto, & G. Bahamonde (Eds.), *Arqueología de Fuego-Patagonia. Levantando piedras, desenterrando huesos y develando arcanos* (1.ª ed., pp. 151-161). VI Jornadas de Arqueología de la Patagonia. https://www.academia.edu/13278167/Isotopos_estables_dieta_y_uso_del_espacio_en_la_costa_atlantica_centro_septentrional_y_el_valle_inferior_del_rio_Chubut_Patagonia_argentina
- Gómez Otero, J. (2012). La importancia de rescatar los enterratorios humanos en riesgo: Experiencias en el nordeste de la provincia de Chubut. *Cazadores-recolectores del Cono Sur. Revista de Arqueología*, 5(1), 15-34. <https://suquia.ffyh.unc.edu.ar/handle/suquia/16551>
- Gómez Otero, J. (2018). Desafíos en la interpretación del registro arqueológico de la costa atlántica de Patagonia continental. En A. F. J. Zangrando (Ed.), *Poblamiento temprano y arqueología de costas en Patagonia y Tierra del Fuego: Vacío de información, preconcepciones y perspectivas*. (Vol. 19, pp. 82-84). Intersecciones en Antropología. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=179560726001>
- Gómez Otero, J., Banegas, A., Goye, S., & Franco, N. V. (2009). Variabilidad morfológica de puntas de proyectil en la costa centro-septentrional de Patagonia argentina: Primeros estudios y primeras preguntas. En A. Guillaume (Ed.), *VIII Congreso de historia social y política de la Patagonia argentino-chilena. Las fuentes en la construcción de una historia patagónica* (1.ª ed., pp. 110-118). Secretaría de Cultura de la Provincia del Chubut. Trevelin, Argentina. https://www.researchgate.net/publication/284603887_Variabilidad_morfologica_de_p

- untas_de_proyectil_en_la_costa_centro-septentrional_de_Patagonia_argentina_primeros_estudios_y_primeras_preguntas
- Gómez Otero, J., Belardi, J. B., Tykot, R., & Grammer, S. (2000). Dieta y poblaciones humanas en la costa norte del Chubut (Patagonia Argentina). En *Desde el País de los Gigantes. Perspectivas arqueológicas en Patagonia* (1.ª ed., Vol. 4, pp. 109-122). Universidad Nacional de la Patagonia Austral, Río Gallegos Argentina. <http://luna.cas.usf.edu/~rtykot/PR18%20-%20Jornadas%20Patagonia%202000.pdf>
- Gómez Otero, J., & Bellelli, C. (2006). La Patagonia central: Poblamientos y culturas en el área de Chubut. En C. Godoy-Manríquez J., H. Pailleleo J., S. Bandieri, & G. Blanco (Eds.), *Patagonia Total. Antártida e Islas Malvinas. Primera parte: Historias de la Patagonia. Sociedades y espacios en el tiempo* (pp. 27-51). BarcelBaires Ediciones S.A. <http://hdl.handle.net/11336/111979>
- Gómez Otero, J., Constenla, D. T., & Schuster, V. (2014). Isótopos Estables de Carbono y Nitrógeno y Cromatografía gaseosa en cerámica arqueológica del Nordeste de la Provincia de Chubut (Patagonia Argentina). *Arqueología*, 20(2), 263-284. <https://doi.org/10.34096/arqueologia.t20.n2.1640>
- Gómez Otero, J., & Dahinten, S. L. (1998). Costumbres funerarias y esqueletos humanos: Variabilidad y poblamiento en la costa nordeste de la provincia del Chubut (Patagonia Argentina). *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología*, 22(23), 101-124. <https://doi.org/handle/10915/25564>
- Gómez Otero, J., & Dahinten, S. L. (2006). Bioarqueología de la costa centro-septentrional de la Patagonia argentina. En I. Cruz & M. S. Caracotche (Eds.), *Arqueología de la costa patagónica: Perspectivas para la conservación* (1.ª ed., Vol. 1, pp. 82-90). Universidad Nacional de la Patagonia Austral. <https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/128679>
- Gómez Otero, J., Lanata, J. L., & Prieto, A. (1998). Arqueología de la costa atlántica patagónica. *Revista de Arqueología Americana*, 15(1), 107-185. <http://www.jstor.com/stable/27768415>
- Gómez Otero, J., Moreno, E., & Schuster, V. (2010). Ocupaciones tardías en el valle inferior de río Chubut: Primeros resultados del sitio Cinco Esquinas. En R. J. Bárcena & H. Chiavazza (Eds.), *Actas del XVII Congreso Nacional de Arqueología Argentina* (1.ª ed., Vol. 5, pp. 1917-1922). Universidad Nacional de Cuyo. Instituto de Ciencias HUmanas, Sociales y Ambientales.CONICET. <http://hdl.handle.net/11336/111979>
- Ocupaciones_tardías_en_el_valle_inferior_del_Río_Chubut_primeros_resultados_de_l_sitio_Cinco_Esquinas_1
- Gómez Otero, J., & Moreno, J. E. (2015). Archaeological evidence for hunter-gatherers mobility and diet changes during eighteen and nineteen centuries in the central

- Patagonian Atlantic coast. *The SAA Archaeological Record*, 15(3), 12-15.
<http://hdl.handle.net/11336/5613>
- Gómez Otero, J., & Novellino, P. (2011). Diet, nutritional status and oral health in hunter-gatherers from the central-northern coast of Patagonia and the Chubut river lower valley, Argentina. *International Journal of Osteoarchaeology*, 21(6), 643-659.
<https://doi.org/10.1002/oa.1171>
- Gómez Otero, J., Schuster, V., & Banegas, A. (2017). Archaeology of the Península Valdés: Spatial and temporal variability in the human use of the landscape and reological resources. En P. Bouza & A. Bilmes (Eds.), *Late Cenozoic of Península Valdés, Patagonia, Argentina: An interdisciplinary approach* (pp. 233-261). Springer, Cham.
https://doi.org/10.1007/978-3-319-48508-9_10
- Gómez Otero, J., Schuster, V., & Svoboda, A. (2014). Fish and plants: The “hidden” resources in the archaeological record of the North–central Patagonian coast (Argentina). *Quaternary International*, 373, 72-81. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2014.12.013>
- Gómez Otero, J., & Stern, C. R. (2004). Circulación, intercambio y uso de obsidias en la costa de la provincia del Chubut (Patagonia argentina), durante el Holoceno tardío. *Intersecciones en antropología*, 6(1), 93-108.
http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1850-373X2005000100008
- Gómez Otero, J., & Svoboda, A. (2022). Temporal changes in the utilization of marine resources by Hunter-Gatherers of the North-Central Patagonian Atlantic coast during the Holocene. En W. E. Helbling, R. A. González, M. A. Narvarte, & V. E. Villafañe (Eds.), *Global change in Atlantic Coastal Patagonian Ecosystems: A journey through time* (pp. 319-347). Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-86676-1_13
- Gómez Otero, J., Weiler, N., Moreno, E., & Caviglia, S. (2009). Localidad arqueológica Los Cangrejales: Evidencias de ocupaciones humanas y de variaciones de la línea de costa en el Holoceno tardío. En M. Salemme, S. Fernando, M. Álvarez, E. Piana, M. Vázquez, & M. E. Mansur (Eds.), *Arqueología de la Patagonia: Una mirada desde el último confín* (1.^a ed., Vol. 1). Editorial Utopías.
https://www.researchgate.net/publication/284399363_Localidad_arqueologica_Los_Cangrejales_Sur_evidencias_de_ocupaciones_humanas_y_de_variaciones_en_la_linea_de_costa_durante_el_Holoceno_tardio
- Gómez-Carballa, A., Moreno, F., Álvarez-Iglesias, V., Martín-Torres, F., García-Magariños, M., Pantoja-Astudillo, J. A., Aguirre-Morales, E., Bustos, P., & Salas, A. (2016). Revealing latitudinal patterns of mitochondrial DNA diversity in Chileans. *Forensic Science International: Genetics*, 20, 81-88.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.10.002>

- Gómez-Carballa, A., Pardo-Seco, J., Brandini, S., Achilli, A., Perego, U. A., Coble, M. D., Diegoli, T. M., Álvarez-Iglesias, V., Martín-Torres, F., & Olivieri, A. (2018). The peopling of South America and the trans-Andean gene flow of the first settlers. *Genome research*, 28(6), 767-779. <https://doi.org/10.1101/gr.234674.118>
- González José, R., Bortolini, M. C., Santos, F. R., & Bonatto, S. L. (2008). The peopling of America: Craniofacial shape variation on a continental scale and its interpretation from an interdisciplinary view. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 137(2), 175-187. <https://doi.org/10.1002/ajpa.20854>
- González José, R., Dahinten, S. L., & Hernandez, M. (2001). The settlement of Patagonia: A matrix correlation study. *Human Biology*, 73(2), 233-248. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11446427/>
- Goodwin, W., Linacre, A., & Hadi, S. (2007). *An introduction to forensic genetics* (Vol. 2). John Wiley & Sons. <https://bahan-ajar.esaunggul.ac.id/ibk582/wp-content/uploads/sites/1689/2020/01/12.-An-introduction2forensicgenetics-EBOOK-BACA.pdf>
- Goye, S., Gómez Otero, J., & Pérez, A. E. (2022). Uso y circulación de obsidianas en valle inferior del río Chubut y su desembocadura durante el Holoceno tardío. *Resúmenes del II Congreso Argentino de Estudios Líticos*, 141. <http://repositorio.filo.uba.ar:8080/bitstream/handle/filodigital/14942/garc%C3%ADa%202do%20Congreso%20Litico%202022.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Gradin, C. J., & Aguerre, A. M. (1994). Excavación del enterratorio de Puesto el Rodeo. En C. J. Gradin & A. M. Aguerre (Eds.), *Contribución a la arqueología del río Pinturas, Provincia de Santa Cruz* (pp. 259-272). Editorial Ayllu Buenos Aires.
- Gruhn, R. (1994). The Pacific Coast route of initial entry: An overview. En R. Bonnichsen & G. Steele (Eds.), *Method and Theory for Investigating the Peopling of the Americas* (pp. 249-256). Center for the Study of the First American. Oregon State University.
- Gurin, C., Mazzuca, M., Gómez Otero, J., & Maier, M. S. (2021). Micro-Raman spectroscopy and complementary techniques applied for the analysis of rock art paintings at the archaeological locality La Angostura, lower valley of Chubut River (Patagonia, Argentina). *Archaeological and Anthropological Sciences*, 13(54), 1-21. <https://doi.org/10.1007/s12520-021-01300-9>
- Haelewaters, D., Hofmann, T. A., & Romero-Olivares, A. L. (2021). Ten simple rules for Global North researchers to stop perpetuating helicopter research in the Global South. *Plos Computational Biology*, 17(8), e1009277. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009277>

- Hansen, H. B., Damgaard, P. B., Margaryan, A., Stenderup, J., Lynnerup, N., Willerslev, E., & Allentoft, M. E. (2017). Comparing ancient DNA preservation in petrous bone and tooth cementum. *PloS one*, 12(1), e0170940. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0170940>
- Harry, D. (2009). Indigenous peoples and gene disputes. *Chicago-Kent Law Review*, 84(1), 147-189. <https://scholarship.kentlaw.iit.edu/cklawreview/vol84/iss1/8>
- Hartl, D. L., & Clark, A. G. (1998). *Principles of population genetics* (3th ed.). Sinauer associates Sunderland, MA.
- Herrmann, B., & Hummel, S. (1994). Introduction. En B. Herrmann & S. Hummel (Eds.), *Ancient DNA: recovery and analysis of genetic material from paleontological, archaeological, museum, medical, and forensic specimens* (1.^a ed., Vol. 1, pp. 1-12). Springer Science & Business Media. <https://doi.org/10.1007/978-1-4612-4318-2>
- Higuchi, R., Bowman, B., Freiberger, M., Ryder, O. A., & Wilson, A. C. (1984). DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature*, 312(5991), 282-284. <https://doi.org/10.1038/312282a0>
- Hofreiter, M., Pajmans, J. L., Goodchild, H., Speller, C. F., Barlow, A., Fortes, G. G., Thomas, J. A., Ludwig, A., & Collins, M. J. (2015). The future of ancient DNA: Technical advances and conceptual shifts. *BioEssays*, 37(3), 284-293. <https://doi.org/10.1002/bies.201400160>
- Hubbe, M., Okumura, M., Bernardo, D. V., & Neves, W. A. (2014). Cranial morphological diversity of early, middle, and late Holocene Brazilian groups: Implications for human dispersion in Brazil. *American journal of physical anthropology*, 155(4), 546-558. <https://doi.org/10.1002/ajpa.22607>
- Hubby, J. L., & Lewontin, R. C. (1966). A molecular approach to the study of genic heterozygosity in natural populations. I. The number of alleles at different loci in *Drosophila pseudoobscura*. *Genetics*, 54(2), 577. <https://doi.org/10.1093/genetics/54.2.577>
- Hublin, J. J., Pääbo, S., Derevianko, A. P., Doronichev, V. B., Golovanova, Friess, M., Froment, A., Hoffmann, A., Jilani Kachache, N. E., & Kullmer, O. (2008). Suggested guidelines for invasive sampling of hominid remains. *Journal of Human Evolution*, 55(1), 756-757. <https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2008.04.010>
- Jackson, D., Méndez, C., de Saint Pierre, M., Aspillaga, E., & G. Politis, G. (2015). Direct dates and mtDNA of Late Pleistocene Human skeletons from South America: A Comment on Chatters et al.(2014). *PaleoAmerica*, 1(3), 213-216. <https://doi.org/10.1080/15564894.2012.708009>
- Jelin, E. (2000). Fronteras, naciones, género. Un comentario. En A. Grimson (Ed.), *Fronteras, naciones e identidades. La periferia como centro* (1.^a ed., Vol. 1, p. 348). Ciccus. La Crujía.

- Jones, B. (2015). La Colonia Galesa del Chubut y la emigración desde Gales en los siglos XIX y XX. En M. Gavirati & F. Williams (Eds.), *150 años de Y Wladfa: Ensayos sobre la historia de la colonización galesa en la Patagonia* (1st ed, pp. 31-49). Secretaría de Cultura de la Provincia del Chubut. <http://orca.cf.ac.uk/id/eprint/89432>
- Jónsson, H., Ginolhac, A., Schubert, M., Johnson, P. L., & Orlando, L. (2013). mapDamage2.0: Fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters. *Bioinformatics*, *29*(13), 1682-1684. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt193>
- Kaestle, F. A., & Horsburgh, K. A. (2002). Ancient DNA in anthropology: Methods, applications, and ethics. *Yearbook of Physical Anthropology*, *45*(1), 92-130. <https://doi.org/10.1002/ajpa.10179>
- Kemp, B. M., & Smith, D. G. (2010). Ancient DNA methodology: Thoughts from Brian M. Kemp and David Glenn Smith on " Mitochondrial DNA of protohistoric remains of an Arikara population from South Dakota". *Human biology*, *82*(2), 227-238. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20649402/>
- Kieser, S., Brown, J., Zdobnov, E. M., Trajkovski, M., & McCue, L. A. (2020). ATLAS: A Snakemake workflow for assembly, annotation, and genomic binning of metagenome sequence data. *BMC bioinformatics*, *21*(257), 1-8. <https://doi.org/10.1186/s12859-020-03585-4>
- Kivisild, T., Metspalu, M., Bandelt, H.-J., Richards, M., & Villems, R. (2006). The world mtDNA phylogeny. En H.-J. Bandelt, V. Macaulay, & M. Richards (Eds.), *Human Mitochondrial DNA and the Evolution of Homo sapiens* (Vol. 18, pp. 149-180). Springer. https://doi.org/10.1007/3-540-31789-9_7
- Kokot, R. R. (2004). *Erosión en la Costa Patagónica por Cambio Climático*. *59*(4), 715-726. <http://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/91522>
- Lahn, B. T., & Ebenstein, L. (2009). Let's celebrate human genetic diversity. *Nature*, *461*(7265), 726-728. <https://doi.org/10.1038/461726a>
- Lalueza-Fox, C., Pérez-Pérez, A., Prats, E., Cornudella, L., & Turbon, D. (1997). Lack of founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia. *Human Molecular Genetics*, *6*(1), 41-46. <https://doi.org/10.1093/hmg/6.1.41>
- Lanata, J. L., Martino, L., Osella, A., & Garcia-Herbst, A. (2008). Demographic conditions necessary to colonize new spaces: The case for early human dispersal in the Americas. *World archaeology*, *40*(4), 520-537. <https://www.jstor.org/stable/40388292>
- Lanfear, R., Calcott, B., Ho, S. Y., & Guindon, S. (2012). PartitionFinder: Combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Molecular biology and evolution*, *29*(6), 1695-1701. <https://doi.org/10.1093/molbev/mss020>

- Lewontin, R. C. (1972). The apportionment of human diversity. En T. Dobzhansky, M. K. Hecht, & W. C. Steere (Eds.), *Evolutionary biology* (pp. 381-398). Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4684-9063-3_14
- Lewontin, R. C., Rose, S., & Kamin, L. J. (1984). *Not in our genes: Biology, ideology, and human nature*. <https://repository.library.georgetown.edu/handle/10822/548876>
- L'Heureux, G. L., & Barberena, R. (2008). Evidencias bioarqueológicas en Patagonia meridional: El sitio Orejas de Burro 1 (Pali Aike, provincia de Santa Cruz). *Intersecciones en Antropología*, 9, 11-24. <https://www.redalyc.org/pdf/1795/179514533002.pdf>
- Li, H., & Durbin, R. (2009). Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics*, 25(14), 1754-1760. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324>
- Llamas, B., Fehren-Schmitz, L., Valverde, G., Soubrier, J., Mallick, S., Rohland, N., Nordenfelt, S., Valdiosera, C., Richards, S. M., & Rohrlach, A. (2016). Ancient mitochondrial DNA provides high-resolution time scale of the peopling of the Americas. *Science advances*, 2(4), e1501385. <https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.1501385>
- Llamas, B., Rada, X. R., & Collen, E. (2020). Ancient DNA helps trace the peopling of the world. *The Biochemist*, 42(1), 18-22. <https://doi.org/10.1042/BIO04201018>
- López Beltrán, C., Wade, P., Restrepo, E., & Ventura Santos, R. (2017). Genómica, mestizaje y nación en América Latina. En C. López Beltrán, P. Wade, E. Restrepo, & R. Ventura Santos (Eds.), *Genómica mestiza: Raza, nación y ciencia en Latinoamérica* (pp. 21-71). Fondo de Cultura Económica. <https://www.academica.org/eduardo.restrepo/29>
- Martin, F. M., & Borrero, L. A. (2017). Climate change, availability of territory, and Late Pleistocene human exploration of Ultima Esperanza, South Chile. *Quaternary International*, 428(part B), 86-95. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2015.06.023>
- Martínez, G., Prates, L., Flensburg, G., Stoessel, L., Alcaráz, A. P., & Bayala, P. (2015). Radiocarbon trends in the Pampean region (Argentina). Biases and demographic patterns during the final Late Pleistocene and Holocene. *Quaternary International*, 356, 89-110. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2014.09.056>
- Mena, F., Lucero, V., Reyes, O., Trejo, V., & Velásquez, H. (2000). Cazadores tempranos y tardíos en la cueva Baño Nuevo-1, margen occidental de la estepa centropatagónica (XI Región de Aisén, Chile). *Anales del Instituto de la Patagonia*. <http://www.bibliotecadigital.umag.cl/handle/20.500.11893/1346>
- Méndez, C., Delaunay, A. N., Reyes, O., Ozán, I. L., Belmar, C., & López, P. (2018). The initial peopling of Central Western Patagonia (southernmost South America): Late Pleistocene through Holocene site context and archaeological assemblages from

- Cueva de la Vieja site. *Quaternary International*, 473(part B), 261-277. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2017.07.014>
- Mera, R., & García, C. (2004). Alero Marifilo-1. Ocupación holoceno temprana en la costa del lago Calafquén (X Región, Chile). *Contra viento y marea. Arqueología de la Patagonia*, 249-262. https://www.academia.edu/4096131/Mera_y_Garc%C3%ADa_2004_Alero_Marifilo_1_Ocupaci%C3%B3n_Holoceno_temprana_en_la_costa_del_lago_Calafqu%C3%A9n_X_Regi%C3%B3n_Chile_
- Meyer, M., & Kircher, M. (2010). Illumina sequencing library preparation for highly multiplexed target capture and sequencing. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2010(6), pdb-prot5448. <https://doi.org/10.1101/pdb.prot5448>
- Millán, A. G., & Dahinten, S. L. (2019). La Colección Bioantropológica del norte de Chubut (Secretaría de Cultura de Chubut/IDEAUS-CONICET): Integración, conservación e investigación. En J. Gómez Otero, A. Svoboda, & A. Banegas (Eds.), *Arqueología de la Patagonia: El pasado en las arenas* (1.ª ed., pp. 205-213). Instituto de Diversidad y Evolución Austral CONICET-IDEAus. https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/60993350/19_Millan_y_Dahinten20191023-78621-vd52ae-with-cover-page-v2.pdf?Expires=1667238731&Signature=HOltYHQOUMjhQyHG6DSkDpifSFJglwqPgMSbtY1VIVs1kogaspXg1gcxtROe~-J3B~S~Y37T0MeCA7WxcvgDclKIGv3UfaNUo430O2LQ4~4zkwB9IEdgM-Im2eRy~sGOHI-vWPmOPgaUpu1t5N3OFStyGQGuOTKqZe~bzi4f8Yixb3hXyzOwlqpQVRCuwnVnBP1h6ru8fqIx37BwV0ZKts9tUy7AqHo8wz5A5ZLEoLjTrN9y2q1hZkxthutKsHUs0~vuFfkD5cJR8FKAi8h7GINBuU01-TGcAtrV9WQ2Nosm8Y1S-S5aqGc1Alhg653YlvM5ZpV8jyug7k5cZaGWhw__&Key-Pair-Id=APKAJLOHF5GGSLRBV4ZA
- Millán, A. G., Mohamed, N., & Dahinten, S. L. (2019). Recuperación, curación y estudios bioantropológicos de la Colección Frengüelli-Brunet. *Revista del Museo de Antropología*, 12(3), 73-80. <https://doi.org/10.31048/1852.4826.v12.n3.24502>
- Millán, A. G., Svoboda, A., Banegas, A., Dahinten, S., & Gómez Otero, J. (2022). El entierro múltiple de Cabo Dos Bahías (Patagonia Central Argentina): Recuperación de información de la colección Frengüelli-Brunet. *Revista del Museo de Antropología*, 15(1), 173-178. <http://dx.doi.org/http://doi.org/10.31048/1852.4826.v15.n1.34308>
- Milne, I., Stephen, G., Bayer, M., Cock, P. J., Pritchard, L., Cardle, L., Shaw, P. D., & Marshall, D. (2013). Using Tablet for visual exploration of second-generation sequencing data. *Briefings in bioinformatics*, 14(2), 193-202. <https://doi.org/10.1093/bib/bbs012>

- Miotti, L. (2006). La fachada atlántica, como puerta de ingreso alternativa de la colonización humana de América del Sur durante la transición Pleistoceno/Holoceno. *II simposio internacional El Hombre temprano en América*, 155-188. https://www.academia.edu/14432220/La_fachada_atl%C3%A1ntica_como_puerta_de_ingreso_alternativa_de_la_colonizaci%C3%B3n_humana_de_Am%C3%A9rica_de_l_Sur_durante_la_transici%C3%B3n_Pleistoceno_Holoceno
- Miotti, L., & Salemme, M. C. (2003). When Patagonia was colonized: People mobility at high latitudes during Pleistocene/Holocene transition. *Quaternary International*, 109, 95-111. [https://doi.org/10.1016/S1040-6182\(02\)00206-9](https://doi.org/10.1016/S1040-6182(02)00206-9)
- Molak, M., Lorenzen, E. D., Shapiro, B., & Ho, S. Y. (2012). Phylogenetic estimation of timescales using ancient DNA: The effects of temporal sampling scheme and uncertainty in sample ages. *Molecular Biology and Evolution*, 30(2), 253-262. <https://doi.org/10.1093/molbev/mss232>
- Molak, M., Suchard, M. A., Ho, S. Y., Beilman, D. W., & Shapiro, B. (2015). Empirical calibrated radiocarbon sampler: A tool for incorporating radiocarbon-date and calibration error into Bayesian phylogenetic analyses of ancient DNA. *Molecular ecology resources*, 15(1), 81-86. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12295>
- Moraga, M., de la Fuente, C., Galimany, J., Orellana-Soto, M., & Reyes, O. (2022). 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>
- Moraga, M., de Saint Pierre, M., Torres, F., & Ríos, J. (2010). Vínculos de parentesco por vía materna entre los últimos descendientes de la etnia Kawésqar y algunos entierros en los canales patagónicos: Evidencia desde el estudio de linajes mitocondriales. *Magallania (Punta Arenas)*, 38(2), 103-114. <https://doi.org/10.4067/S0718-22442010000200006>
- Moraga, M., Galimany, J., Prieto, A., & Franco, N. V. (2016). Linajes uniparentales B2 (ADNmt) y Q-L54 (XM3) (cromosoma Y) hallados en antiguos habitantes de la Patagonia argentina y chilena. *Libro de Resúmenes del XIV Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica*, 126.
- Moraga, M., Rocco, P., Miquel, J., Nervi, F., Llop, E., Chakraborty, R., Rothhammer, F., & Carvallo, P. (2000). Mitochondrial DNA polymorphisms in Chilean aboriginal populations: Implications for the peopling of the southern cone of the continent. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 113(1), 19-29. [https://doi.org/10.1002/1096-8644\(200009\)113:1<19::AID-AJPA3>3.0.CO;2-X](https://doi.org/10.1002/1096-8644(200009)113:1<19::AID-AJPA3>3.0.CO;2-X)

- Morello, F., Borrero, L., Massone, M., Stern, C., García-Herbst, A., McCulloch, R., Arroyo-Kalin, M., Calás, E., Torres, J., & Prieto, A. (2012). Hunter-gatherers, biogeographic barriers and the development of human settlement in Tierra del Fuego. *Antiquity*, 86(331), 71-87. <https://doi.org/10.1017/S0003598X00062463>
- Moreno, J. E., Pérez Ruiz, H. G., Ramirez Rozzi, F., Reyes, M. R., Svoboda, A., Peralta González, S., & Herrera Santana, M. (2015). Primeros resultados de los trabajos arqueológicos en el lago Colhué Huapi (Chubut). *Cuadernos del Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano*, 24(2), 133-137. <http://hdl.handle.net/11336/36792>
- 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. (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* [Facultad de Ciencias Naturales y Museo]. <https://doi.org/10.35537/10915/25788>
- Motti, J. M. B., Muñoz, S. A., Cruz, I., D'Angelo del Campo, M. D., Borrero, L. A., Bravi, C. M., & Guichón, R. A. (2019). Análisis de ADN mitocondrial en restos humanos del Holoceno Tardío del sur de Santa Cruz. En J. Gómez Otero, A. Svoboda, & A. Banegas (Eds.), *Arqueología de la Patagonia: El pasado en las arenas* (1.ª ed., Vol. 1, pp. 493-503). Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET). https://www.researchgate.net/publication/334811446_Analisis_de_ADN_mitocondrial_en_restos_humanos_del_Holoceno_Tardio_del_sur_de_Santa_Cruz
- Motti, J. M. B., Pauro, M., Scabuzzo, C., García, A., Aldazábal, V., Vecchi, R., Bayón, C., Pastor, N., Demarchi, D. A., Bravi, C. M., Reich, D., Cabana, G. S., & Nores, R. (2023). Ancient mitogenomes from the Southern Pampas of Argentina reflect local differentiation and limited extra-regional linkages after rapid initial colonization. *American Journal of Biological Anthropology*. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24727>
- Motti, J. M. B., Winingear, S., Valenzuela, L. O., Nieves-Colón, M. A., Harkins, K. M., Laborde, P. G., Bravi, C. M., Guichon, R. A., & 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>
- Nacuzzi, L. R. (1998). Identidades impuestas en el norte de la Patagonia argentina (siglo XVIII). *Histórica*, 22(1), 25-51. <https://revistas.pucp.edu.pe/index.php/historica/article/view/8517>

- Nacuzzi, L. R. (2005). *Identidades impuestas. Tehuelches, aucas y pampas en el norte de la Patagonia* (2.^a ed., Vol. 1). Sociedad argentina de antropología. <http://periplosfronteras.com.ar/libros/Nacuzzi%20-%20Identidades%20Impuestas.pdf>
- Nacuzzi, L. R., & Lucaioli, C. P. (2017). Una reflexión sobre los rótulos históricos y la dificultad de nombrar a los grupos étnicos de Pampa-Patagonia y el Chaco. *Nuevo Mundo Mundos Nuevos*, [en línea]. <https://doi.org/10.4000/nuevomundo.71684>
- Nakatsuka, N., Luisi, P., Motti, J. M. B., Salemme, M., Santiago, F., del Campo, M. D., Vecchi, R. J., Espinosa-Parrilla, Y., Prieto, A., & Adamski, N. (2020). Ancient genomes in South Patagonia reveal population movements associated with technological shifts and geography. *Nature Communications*, 11(1), 1-12. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-17656-w>
- Nami, H. G., & Nakamura, T. (1995). Cronología radiocarbónica con AMS sobre muestras de hueso procedentes del sitio Cueva del Medio (Última Esperanza, Chile). *Anales del Instituto de la Patagonia*. <http://hdl.handle.net/20.500.11893/1072>
- Neves, W. A., Powell, J. F., & Ozolins, E. G. (1999). Extra-continental morphological affinities of Palli Aike, southern Chile. *Interciencia*, 24(4), 258-263. <https://repositorio.usp.br/item/001060234>
- Nieves-Colón, M. A., Blevins, K. E., Contreras-Sieck, M. Á., & Bravo López, M. (2021). Paleogenómica y bioarqueología en México. *Cuicuilco. Revista de ciencias antropológicas*, 28(81), 187-223. <https://revistas.inah.gob.mx/index.php/cuicuilco/article/view/17129>
- Nores, R., Tavella, M. P., Fabra, M., & Demarchi, D. A. (2022). Ancient DNA analysis reveals temporal and geographical patterns of mitochondrial diversity in pre-Hispanic populations from Central Argentina. *American Journal of Human Biology*, 34(7), e23733. <https://doi.org/10.1002/ajhb.23733>
- Orlando, L., Allaby, R., Skoglund, P., Der Sarkissian, C., Stockhammer, P. W., Ávila-Arcos, M. C., Fu, Q., Krause, J., Willerslev, E., & Stone, A. C. (2021). Ancient DNA analysis. *Nature Reviews Methods Primers*, 1(14), 1-26. <https://doi.org/10.1038/s43586-020-00011-0>
- Orlando, L., Ginolhac, A., Zhang, G., Froese, D., Albrechtsen, A., Stiller, M., Schubert, M., Cappellini, E., Petersen, B., Moltke, I., & Willerslev, E. (2013). Recalibrating Equus evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse. *Nature*, 499(7456), 74-78. <https://doi.org/10.1038/nature12323>
- O'Rourke, D. H., Hayes, M. G., & Carlyle, S. W. (2000). Ancient DNA studies in physical anthropology. *Annual Review of Anthropology*, 29(1), 217-242. <https://doi.org/10.1146/annurev.anthro.29.1.217>

- Orquera, L. A., & Gómez Otero, J. (2007). Los cazadores-recolectores de las costas de Pampa, Patagonia y Tierra del Fuego. *Relaciones-Sociedad Argentina de Antropología*, 32(1), 75-100. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/21028>
- Ortíz-Troncoso, O. R. (1975). Los yacimientos de Punta Santa Ana y Bahía Buena (Patagonia Austral). Excavaciones y fechados radiocarbónicos. *Anales del Instituto de la Patagonia*, 1 y 2, 93-122. <http://www.bibliotecadigital.umag.cl/handle/20.500.11893/572>
- Pakendorf, B., & Stoneking, M. (2005). Mitochondrial DNA and Human Evolution. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 6(1), 165-183. <https://doi.org/10.1146/annurev.genom.6.080604.162249>
- Paradis, E., & Schliep, K. (2019). ape 5.0: An environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R. *Bioinformatics*, 35(3), 526-528. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty633>
- Parolin, M. L., Fregel-Lorenzo, R. I., Bravi, C. M., Mendez, F. L., Dahinten, S. L., Gómez Otero, J., Shapiro, B., Green, R. E., Tamburrini, C., Basso, N. G., & Bustamante, C. (2017). Ancient mitogenomes of Argentine Patagonia (6070-310 YBP) reveal the early contribution of lineages not previously found in South America. *PeerJ PrePrints*. <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.3098v1>
- Parolin, M. L., Galimany, J., Gómez Otero, J., Dahinten, S. L., Millán, A. G., & Moraga, M. (2019). Primeras secuencias mitocondriales de la región control completa en muestras humanas del Holoceno tardío de la costa norte y centro de Patagonia, Argentina. En J. Gómez Otero, A. Svoboda, & A. Banegas (Eds.), *Arqueología de la Patagonia: El pasado en las arenas* (1.ª ed., Vol. 1, pp. 469-480). Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET). https://www.researchgate.net/publication/334811446_Analisis_de_ADN_mitocondrial_en_restos_humanos_del_Holoceno_Tardio_del_sur_de_Santa_Cruz
- Parolin, M. L., Tamburrini, C., Real, L. E., & Basso, N. G. (2018). Population genetic analysis of 23 Y-STR loci in Central Argentine Patagonia. *International journal of legal medicine*, 133(3), 777-779. <https://doi.org/10.1007/s00414-018-1896-3>
- Parolin, 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. (2019). Genetic admixture patterns in Argentinian Patagonia. *PloS one*, 14(6), e0214830. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0214830>
- Paunero, R. S. (2003). The Cerro Tres Tetras (C3T) locality in the Central Plateau of Santa Cruz, Argentina. En L. L. Miotti, M. C. Salemme, & N. Flegenheimer (Eds.), *Where the South Winds Blow: Ancient evidence of paleo south americans* (pp. 133-140). Center

- for the Studies of the First Americans (CSFA) and Texas A & M University Press.
<https://searchworks.stanford.edu/view/5611170>
- Pena, S. D. J., Birchal, T. S., & Sette Lopes, M. (2012). La inexistencia de razas y los derechos humanos. En V. B. Penchaszadeh (Ed.), *Genética y Derechos Humanos. Encuentros y Desencuentros*. (1.^a ed., Vol. 1, pp. 69-106). Paidós.
<https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/lil-691829>
- Peralta Gonzalez, S., Moreno, J. E., & Pérez Ruiz, H. G. (2014). La casa esta en orden. Análisis espacial intrasitio de delta vulcana 1 (Lago Musters, Chubut, Argentina) y movilidad de cazadores-recolectores en Patagonia central durante el Holoceno Tardío. *Magallania*, 42(2), 141-153. <https://doi.org/10.4067/S0718-22442014000200008>
- Perego, U. A., Angerhofer, N., Pala, M., Olivieri, A., Lancioni, H., Kashani, B. H., Carossa, V., Ekins, J. E., Gómez-Carballa, A., & Huber, G. (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>
- Perego, U. A., Achilli, A., Angerhofer, N., Accetturo, M., Pala, M., Olivieri, A., ... & Torroni, A. (2009). Distinctive Paleo-Indian migration routes from Beringia marked by two rare mtDNA haplogroups. *Current biology*, 19(1), 1-8.
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2008.11.058>
- Pérez, I. S., Della Negra, C., Novellino, P., González, P., Bernal, V., Cúneo, E., & Hajduk, A. (2009). Deformaciones artificiales del cráneo en cazadores-recolectores del Holoceno medio-tardío del noroeste de Patagonia. *Magallania (Punta Arenas)*, 37(2), 77-90.
<http://dx.doi.org/10.4067/S0718-22442009000200005>
- Peyrégne, S., & Prüfer, K. (2020). Present-Day DNA Contamination in Ancient DNA Datasets. *BioEssays*, 42(9), 2000081. <https://doi.org/10.1002/bies.202000081>
- Pickrell, J. K., & Reich, D. (2014). Toward a new history and geography of human genes informed by ancient DNA. *Trends in Genetics*, 30(9), 377-389.
<https://doi.org/10.1016/j.tig.2014.07.007>
- Pinhasi, R., Fernandes, D., Sirak, K., Novak, M., Connell, S., Alpaslan-Roodenberg, S., Gerritsen, F., Moiseyev, V., Gromov, A., & Raczky, P. (2015). Optimal ancient DNA yields from the inner ear part of the human petrous bone. *PloS one*, 10(6), e0129102.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0129102>
- Politis, G. G., & Bonomo, M. (2011). Nuevos datos sobre el "hombre fósil" de Ameghino. *Asociación Paleontológica Argentina*, 12(1).
<http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/115941>

- Politis, G. G., Gutiérrez, M. A., Rafuse, D. J., & Blasi, A. (2016). The arrival of *Homo sapiens* into the Southern Cone at 14,000 years ago. *PLoS One*, *11*(9), e0162870. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0162870>
- Politis, G. G., & Prates, L. (2018). Clocking the arrival of *Homo sapiens* in the Southern Cone of South America. En K. Harvati, G. Jäger, & H. Reyes-Centeno (Eds.), *New perspectives on the peopling of the Americas* (Vol. 1, pp. 79-106). Kerns Verlag, Tübingen. https://www.academia.edu/38656203/Chapter_4_Clocking_the_arrival_of_Homo_sapiens_in_the_Southern_Cone_of_South_America
- Ponce, J. F., Rabassa, J., Coronato, A., & Borronei, A. M. (2011). Palaeogeographical evolution of the Atlantic coast of Pampa and Patagonia from the last glacial maximum to the Middle Holocene. *Biological Journal of the Linnean Society*, *103*(2), 363-379. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2011.01653.x>
- Posada, D. (2008). jModelTest: Phylogenetic model averaging. *Molecular biology and evolution*, *25*(7), 1253-1256. <https://doi.org/10.1093/molbev/msn083>
- Posth, C., Nakatsuka, N., Lazaridis, I., Skoglund, P., Mallick, S., Lamnidis, T. C., Rohland, N., Nägele, K., Adamski, N., & Bertolini, E. (2018). Reconstructing the deep population history of Central and South America. *Cell*, *175*(5), 1185-1197. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.10.027>
- Postillone, M. B., Cobos, V. A., Urrutia, C., Dejean, C. B., Gonzalez, P. N., Perez, S. I., & Bernal, V. (2020). *Mitochondrial DNA Diversity and Evolutionary History of Native Human Populations of Northwest Patagonia (Argentina)*. *91*(2), 57-59. <https://doi.org/10.13110/humanbiology.91.2.01>
- Postillone, M. B., Fuchs, M. L., Crespo, C. M., Russo, M. G., Varela, H. H., Carnese, F. R., Avena, S. A., & Dejean, C. B. (2017). Linajes maternos en muestras antiguas de la Puna Jujeña: Comparación con estudios de la región Centro-Sur Andina. *Revista argentina de antropología biológica*, *19*(1), 0-0. <https://doi.org/10.17139/raab.19.1.16>
- Postillone, M. B., Martínez, G., Flensburg, G., & Dejean, C. B. (2020). First analysis of mitochondrial lineages from the eastern Pampa–Patagonia transition during the final late Holocene. *American Journal of Physical Anthropology*, *171*(4), 659-670. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24016>
- Prates, L., Politis, G. G., & Pérez, I. S. (2020). Rapid radiation of humans in South America after the last glacial maximum: A radiocarbon-based study. *PloS one*, *15*(7), e0236023. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0236023>
- Prates, L., Politis, G., & Steele, J. (2013). Radiocarbon chronology of the early human occupation of Argentina. *Quaternary International*, *301*, 104-122. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2013.03.011>

- Prendergast, M. E., & Sawchuk, E. (2018). Boots on the ground in Africa's ancient DNA 'revolution': Archaeological perspectives on ethics and best practices. *Antiquity*, 92(363), 803-815. <https://doi.org/10.15184/aqy.2018.70>
- Prieto, A., Morano, S., Cárdenas, P., Sierpe, V., Calas, E., Christensen, M., Lefevre, C., Laroulandie, V., Espinosa-Parrilla, Y., & Ramirez, O. (2020). A novel child burial from Tierra del Fuego: A preliminary report. *The Journal of Island and Coastal Archaeology*, 15(3), 436-454. <https://doi.org/10.1080/15564894.2019.1643429>
- Pucciarelli, H. M. (1989). Contribución al concepto de Antropología Biológica. *Revista de Antropología*, 7, 27-31.
- Pucciarelli, H. M., González-José, R., Neves, W. A., Sardi, M. L., & Rozzi, F. R. (2008). East-West cranial differentiation in pre-Columbian populations from Central and North America. *Journal of Human Evolution*, 54(3), 296-308. <https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2007.08.011>
- R Core Team. (2022). *R: A language and environment for statistical computing* [R]. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>.
- Race Ethnicity and Genetics Working Group. (2005). The use of racial, ethnic, and ancestral categories in human genetics research. *The American Journal of Human Genetics*, 77(4), 519-532. <https://doi.org/10.1086/491747>
- Raghavan, M., Steinrücken, M., Harris, K., Schiffels, S., Rasmussen, S., DeGiorgio, M., Albrechtsen, A., Valdiosera, C., Ávila-Arcos, M. C., & Malaspina, A.-S. (2015). Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans. *Science*, 349(6250), aab3884. <https://doi.org/10.1126/science.aab3884>
- Ramachandran, S., Deshpande, O., Roseman, C. C., Rosenberg, N. A., Feldman, M. W., & Cavalli-Sforza, L. L. (2005). Support from the relationship of genetic and geographic distance in human populations for a serial founder effect originating in Africa. *Proc Natl Acad Sci*, 102(44), 15942-15947. <https://doi.org/10.1073/pnas.0507611102>
- Rambaut, A., Drummond, A. J., Xie, D., Baele, G., & Suchard, M. A. (2018). Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic biology*, 67(5), 901-904. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032>
- Rebeck, T. R., Mahal, B., Maxwell, K. N., Garraway, I. P., & Yamoah, K. (2022). The distinct impacts of race and genetic ancestry on health. *Nature medicine*, 28(5), 890-893. <https://doi.org/10.1038/s41591-022-01796-1>
- Renaud, G., Slon, V., Duggan, A. T., & Kelso, J. (2015). Schmutzi: Estimation of contamination and endogenous mitochondrial consensus calling for ancient DNA. *Genome biology*, 16(224), 1-18. <https://doi.org/10.1186/s13059-015-0776-0>

- Renfrew, C. (2000). *Archaeogenetics: DNA and the population prehistory of Europe* (C. Renfrew & K. V. Boyle, Eds.; Vol. 1). McDonald Inst of Archeological. https://www.researchgate.net/publication/260499396_Archaeogenetics
- Reyes, O., Méndez, C., Mena, F., & Moraga, M. (2012). The bioanthropological evidence of a ca. 10,000 CALYBP ten-individual group in central Patagonia. *Southbound: late pleistocene peopling of latin America*, 167-171. https://www.researchgate.net/publication/267450807_The_bioanthropological_evidence_of_a_ca_10000_CALYBP_ten-individual_group_in_Central_Patagonia
- Reyes, O., Méndez, C., & San Román, M. (2019). Cronología de la ocupación humana en los canales septentrionales de Patagonia occidental, Chile. *Intersecciones en antropología*, 20(2), 195-210. https://www.researchgate.net/publication/338101516_Cronologia_de_la_ocupacion_humana_en_los_canales_septentrionales_de_Patagonia_Occidental_Chile
- Reyes, O., Méndez, C., Trejo, V., & Velásquez, H. (2007). El Chueco I: Un asentamiento multicomponente en la estepa occidental de Patagonia Central (11.400 A 2.700 años Cal. AP,-44° S). *Magallania*, 35(1), 107-119. <https://doi.org/10.4067/S0718-22442007000100007>
- Richards, M. B., Macaulay, V. A., Bandelt, H.-J., & Sykes, B. C. (1998). Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe. *Annals of human genetics*, 62(3), 241-260. <https://doi.org/10.1046/j.1469-1809.1998.6230241.x>
- Rieux, A., Eriksson, A., Li, M., Sobkowiak, B., Weinert, L. A., Warmuth, V., Ruiz-Linares, A., Manica, A., & Balloux, F. (2014). Improved calibration of the human mitochondrial clock using ancient genomes. *Molecular biology and evolution*, 31(10), 2780-2792. <https://doi.org/10.1093/molbev/msu222>
- Rizzi, E., Lari, M., Gigli, E., De Bellis, G., & Caramelli, D. (2012). Ancient DNA studies: New perspectives on old samples. *Genetics Selection Evolution*, 44(21), 1-19. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-21>
- Roca-Rada, X., Politis, G., Messineo, P. G., Scheifler, N., Scabuzzo, C., González, M., Harkins, K. M., Reich, D., Souilmi, Y., Teixeira, J. C., Llamas, B., & Fehren-Schmitz, L. (2021). Ancient mitochondrial genomes from the Argentinian Pampas inform the early peopling of the Southern Cone of South America. *iScience*, 24(6), 102553. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2021.102553>
- Rohland, N., & Hofreiter, M. (2007). Ancient DNA extraction from bones and teeth. *Nature protocols*, 2(7), 1756-1762. <https://doi.org/10.1038/nprot.2007.247>
- Romero, J. L. (1991). La República: Estabilización política y cambio económico-social (1862-1880). En *Breve historia de la Argentina* (12.ª ed., pp. 118-137). Huemul. Editorial Abril S.A.

- Rothhammer, F., & Dillehay, T. D. (2009). The late Pleistocene colonization of South America: An interdisciplinary perspective. *Annals of human genetics*, 73(5), 540-549. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2009.00537.x>
- Rothman, B. K. (1998). *Genetic maps and human imaginations: The limits of science in understanding who we are*. WW Norton & Company.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular biology and evolution*, 34(12), 3299-3302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
- Salas, A., Jaime, J. C., Álvarez-Iglesias, V., & Carracedo, A. (2008). Gender bias in the multiethnic genetic composition of central Argentina. *Journal of human genetics*, 53(7), 662. <https://doi.org/10.1007/s10038-008-0297-8>
- Scheib, C. L., Li, H., Desai, T., Link, V., Kendall, C., Dewar, G., Griffith, P. W., Mörseburg, A., Johnson, J. R., & Potter, A. (2018). Ancient human parallel lineages within North America contributed to a coastal expansion. *Science*, 360(6392), 1024-1027. <https://doi.org/10.1126/science.aar6851>.
- Scheinsohn, V., Dahinten, S. L., Gómez Otero, J., Rizzo, F., Leonardt, S., Tchilinguirán, P., Millán, A. G., Kuperszmit, N., González, M. C., & Beroqui, B. (2017). La antigüedad de la ocupación humana en el centro-oeste del Chubut: Nuevos datos del valle del Genoa. *Arqueología*, 23(1), 109-124. <https://doi.org/10.34096/arqueologia.t23.n1.3661>
- Schubert, M., Lindgreen, S., & Orlando, L. (2016). AdapterRemoval v2: Rapid adapter trimming, identification, and read merging. *BMC research notes*, 9(88), 1-7. <https://doi.org/10.1186/s13104-016-1900-2>
- Schurr, T. G., Ballinger, S. W., Gan, Y.-Y., Hodge, J. A., Merriwether, D. A., Lawrence, D. N., Knowler, W. C., Weiss, K. M., & Wallace, D. C. (1990). Amerindian mitochondrial DNAs have rare Asian mutations at high frequencies, suggesting they derived from four primary maternal lineages. *American journal of human genetics*, 46(3), 613. <https://doi.org/PMID1968708>
- Schuster, V. (2010). Diferentes técnicas para el mismo problema: El estudio tecnológico de un conjunto cerámico fragmentario (costa nordeste del Chubut, Patagonia Argentina). *Comechingonia Virtual. Revista Electrónica de Arqueología*, 4(1), 1-26. <http://hdl.handle.net/11086/5117>
- Schuster, V. (2014). La organización tecnológica de la cerámica de cazadores-recolectores. Costa norte de la Provincia del Chubut (Patagonia Argentina). *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología*, 39(1), 203-231. <https://core.ac.uk/download/pdf/76476398.pdf>

- Schuster, V. (2015). Cerámica arqueológica de la costa, valle y meseta de la provincia del Chubut (Patagonia Argentina): Estudio comparativo preliminar de la composición de las pastas a través de la petrografía. *Intersecciones en antropología*, 16(2), 353-366. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=179546060005>
- Schuster, V., & Massaferro, G. I. (2019). Arqueología en el valle inferior-medio del río Chubut. Resultados de los trabajos exploratorios en la localidad Las Chapas, dto. Alsina. *CUHSO (Temuco)*, 30(2), 405-425. <https://doi.org/10.7770/2452-610x.2020.cuhso.02.a03>
- Schuster, V., & Sánchez, M. Q. (2019). Reconstrucciones virtuales en 3D del repertorio cerámico de cazadores-recolectores de la costa nordeste del Chubut, Patagonia argentina. *Arqueología*, 25(1), 233-244. <https://doi.org/10.34096/arqueologia.t25.n1.6016>
- Schwartz-Marin, E. (2015). Genetics and Tradition: Competing Sources of Knowledge of Human History? *eLS. John Wiley & Sons, Ltd: Chichester*, 1-9. <https://doi.org/10.1002/9780470015902.a0020657.pub2>
- Sirak, K. A., Fernandes, D. M., Cheronet, O., Novak, M., Gamarra, B., Balassa, T., Bernert, Z., Cséki, A., Dani, J., Gallina, J. Z., & Pinhasi, R. (2017). A minimally-invasive method for sampling human petrous bones from the cranial base for ancient DNA analysis. *BioTechniques*, 62(6), 283-289. <https://doi.org/10.2144/000114558>
- Skoglund, P., Northoff, B. H., Shunkov, M. V., Derevianko, A. P., Pääbo, S., Krause, J., & Jakobsson, M. (2014). Separating endogenous ancient DNA from modern day contamination in a Siberian Neandertal. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(6), 2229-2234. <https://doi.org/10.1073/pnas.1318934111>
- Skoglund, P., Storå, J., Götherström, A., & Jakobsson, M. (2013). Accurate sex identification of ancient human remains using DNA shotgun sequencing. *Journal of Archaeological Science*, 40(12), 4477-4482. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2013.07.004>
- Smith, H. F. (2011). The role of genetic drift in shaping modern human cranial evolution: A test using microevolutionary modeling. *International journal of evolutionary biology*, 2011(145262). <https://doi.org/10.4061/2011/145262>
- Somel, M., Altınışık, N. E., Özer, F., & Ávila-Arcos, M. del C. (2021). Collaborate equitably in ancient DNA research and beyond. *Nature*, 600(7887), 37-37. <https://doi.org/10.1038/d41586-021-03541-z>
- Stamatakis, A. (2016). The RAxML v8. 2. X Manual. *Heidelberg Institute for Theoretical Studies*. <https://cme.h-its.org/exelixis/resource/download/NewManual.pdf>
- Steele, J., & Politis, G. (2009). AMS 14C dating of early human occupation of southern South America. *Journal of archaeological science*, 36(2), 419-429. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2008.09.024>

- Suárez, R. (2015). The Paleoamerican occupation of the plains of Uruguay: Technology, adaptations, and mobility. *PaleoAmerica*, 1(1), 88-104. <https://doi.org/10.1179/2055556314Z.00000000010>
- Súnico, A. (1996). *Geología del cuaternario y ciencia del suelo: Relaciones geomórficas-estratigráficas con suelos y paleosuelos* [Ph.D. Thesis]. Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. https://bibliotecadigital.exactas.uba.ar/download/tesis/tesis_n2868_Sunico.pdf
- Sutter, R. C. (2020). The Pre-Columbian peopling and population dispersals of South America. *Journal of Archaeological Research*, 29, 93-151. <https://doi.org/10.1007/s10814-020-09146-w>
- Svoboda, A. (2013). Disponibilidad cárnica, rendimiento energético y estimación de la talla de *perca trucha* (*perca criolla*) a partir de la morfometría de huesos diagnósticos y su aplicación a los conjuntos ictioarqueológicos de Patagonia Central. *Cuadernos de Antropología*, 9(5-2013), 251-266. <https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/1278>
- Svoboda, A. (2019). Los vertebrados pequeños en la subsistencia de cazadores-recolectores de ambientes fluviales y marinos de Patagonia central (Chubut, Argentina). *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología*, 44(2), 279-303. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1852-14792019000200004
- Svoboda, A., Caracotche, S., Gómez Otero, J., & Vales, D. (2019). Explotación de Otáridos en el sitio Punta San Roque 1 (costa norte del Golfo San Jorge, Patagonia argentina): Implicancias para el área. *Cuadernos del Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano—Series Especiales*, 7(2), 256-263. https://revistas.inapl.gob.ar/index.php/series_especiales/article/view/1338
- Svoboda, A., & Gómez Otero, J. (2015). Peces marinos, peces fluviales: Explotación diferencial por grupos cazadores-recolectores del noreste de Chubut (Patagonia central, Argentina). *Archaeofauna: international journal of archaeozoology*, 24, 87-101. <https://revistas.uam.es/archaeofauna/article/view/7066>
- Tamburrini, C., Dahinten, S. L., Romero Saihueque, R. Ri., Ávila-Arcos, M. del C., & Parolin, M. L. (2023). Towards an ethical and legal framework in archaeogenomics: Local case in the Atlantic coast of central Patagonia. *American Journal of Biological Anthropology*, 182(2), 161-176. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24821>
- Tamburrini, C., Romero Saihueque, R. R., Dahinten S. L & Parolin M. L. (2023). Comunicación del taller: ciencias genómicas y saberes de los pueblos originarios. Provincia del Chubut, Argentina. *Revista del Museo de Antropología*, 16(3), 79-92. <https://doi.org/10.31048/1852.4826.v16.n2.39239>

- Tamburrini, C., de Saint Pierre, M., Bravi, C. M., Bailliet, G., Jurado Medina, L. S., Velázquez, I. F., Real, L. E., Holley, A., Tedeschi, C., Basso, N. G., & Parolin, M. L. (2021). Uniparental origins of the admixed Argentine Patagonia. *American Journal of Human Biology*, 34(4), 1-22. <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., Martinez-Labarga, C., & Khusnutdinova, E. K. (2007). Beringian standstill and spread of Native American founders. *PloS one*, 2(9). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000829>
- Tamura, K., & Nei, M. (1993). Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular biology and evolution*, 10(3), 512-526. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040023>
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 38(7), 3022-3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Ten Have, H. A. (2001). Genetics and culture: The geneticization thesis. *Medicine, Health Care and Philosophy*, 4, 295-304. <https://doi.org/10.1023/A:1012090810798>
- Tsosie, K. S., Bader, A., Fox, K., Bolnick, D. A., Garrison, N. A., & Smith, R. (2021). Ancient-DNA researchers write their own rules. *Nature*, 600(7887), 37-37. <https://doi.org/10.1038/d41586-021-03542-y>
- UNESCO. (1950). *Las Falacias del racismo: La UNESCO publica una Declaración que denuncia los prejuicios raciales* (pp. 1-16). Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura. https://unesdoc.unesco.org/ark:/48223/pf0000081475_spa
- University of California Television, UCTV (Director). (2008, enero 31). *El concepto de raza con Richard Lewontin*. <https://www.youtube.com/watch?v=JvG1yIKhzoo>
- van Oven, M. (2015). PhyloTree Build 17: Growing the human mitochondrial DNA tree. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 5, e392-e394. <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2015.09.155>
- van Oven, M., & Kayser, M. (2009). Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human mutation*, 30(2). <https://doi.org/10.1002/humu.20921>
- Wade, L. (2018). Ancient DNA tracks migrations around Americas. *American Association for the Advancement of Science*, 362(6415), 627-628. <https://doi.org/10.1126/science.362.6415.627>
- Wagner, J. K., Colwell, C., Claw, K. G., Stone, A. C., Bolnick, D. A., Hawks, J., Brothers, K. B., & Nanibaa'A, G. (2020). Fostering responsible research on ancient DNA. *The American*

- Journal of Human Genetics*, 107(2), 183-195.
<https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2020.06.017>
- Wang, G. H., & Lu, C. C. (1981). Isolation and identification of nucleic acids of the liver from a corpse from the Changsha Han Tomb. *Sheng Wu Hua Hsueh Yu Sheng Wu Wu Li Chin Chan*, 39(1), 70-73.
- Waters, M. R., Amorosi, T., & Stafford, T. W. (2015). Redating Fell's cave, Chile and the chronological placement of the Fishtail projectile point. *American Antiquity*, 80(2), 376-386. <https://doi.org/10.7183/0002-7316.80.2.376>
- Weissensteiner, H., Pacher, D., Kloss-Brandstätter, A., Forer, L., Specht, G., Bandelt, H.-J., Kronenberg, F., Salas, A., & 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>
- Willerslev, E., & Cooper, A. (2005). Ancient DNA. *Proceedings. Biological Sciences*, 272(1558), 3-16. <https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2813>
- Wingett, S. W., & Andrews, S. (2018). *FastQ Screen: A tool for multi-genome mapping and quality control [version 1; peer review: 3 approved, 1 approved with]*. 7(1338). <https://doi.org/10.12688/f1000research.15931.2>
- Wolinsky, H. (2019). Ancient DNA and contemporary politics: The analysis of ancient DNA challenges long-held beliefs about identity and history with potential for political abuse. *EMBO reports*, 20(12), 1-6. <https://doi.org/10.15252/embr.201949507>
- Yang, N. N., Mazières, S., Bravi, C., Ray, N., Wang, S., Burley, M.-W., Bedoya, G., Rojas, W., Parra, M. V., Molina, J. A., & Ruiz-Linares, A. (2010). Contrasting patterns of nuclear and mtDNA diversity in Native American populations. *Annals of human genetics*, 74(6), 525-538. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2010.00608.x>
- Yáñez, B., Fuentes, A., Silva, C. P., Figueiro, G., Menéndez, L. P., García-Deister, V., de la Fuente-Castro, C., González-Duarte, C., Tamburrini, C., & Argüelles, J. M. (2022). Pace and space in the practice of aDNA research: Concerns from the periphery. *American Journal of Biological Anthropology*, 180(3), 417-422. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24683>
- Zangrando, A. F. J. (2018). Poblamiento temprano y arqueología de costas en Patagonia y Tierra del Fuego: Vacío de información, preconceptos y perspectivas. *Intersecciones en Antropología*, 19(2), 63-75. <https://www.redalyc.org/journal/1795/179560726001/html/>
- Zubimendi, M. A., Ambrústolo, P., Zilio, L., & Castro, A. (2015). Continuity and discontinuity in the human use of the north coast of Santa Cruz (Patagonia Argentina) through its radiocarbon record. *Quaternary International*, 356, 127-146. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2014.09.035>

APÉNDICES

Apéndice A: Hacia un marco ético y legal en arqueogenómica: un caso local en la costa atlántica de la Patagonia central

Resumen: Trabajo en materia de bioética realizado en el marco de la tesis doctoral y publicado en la American Journal of Biological Anthropology (AJBA). Se presenta el artículo completo en castellano.



**Towards an ethical and legal framework in
archaeogenomics: a local case in the Atlantic coast of
central Patagonia**

Journal:	<i>American Journal of Biological Anthropology</i>
Manuscript ID	AJPA-2022-00320.R2
Wiley - Manuscript type:	Synthesis
Date Submitted by the Author:	n/a
Complete List of Authors:	Tamburrini, Camila; ctamburrini@cenpat-conicet.gob.ar, Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET) Dahinten, Silvia; Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET) Romero Saihueque, Rubén ; Dirección de Asuntos Indígenas. Subsecretaría de Derechos Humanos. Ministerio de Gobierno y Justicia del Chubut Ávila-Arcos, María; International Laboratory for Human Genome Research, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) Parolin, María; Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET)
Key Words:	ancient DNA, Mapuche-Tehuelche communities, hunter-gatherers, Chubut Province, sustainable science
Subfield: Please select 2 subfields. Select the main subject first.:	Genetics [primate and human], Bioarchaeology [including forensics]

SCHOLARONE™
Manuscripts

Hacia un marco ético y legal en arqueogenómica: un caso local en la costa atlántica de la Patagonia central

Camila Tamburrini^{1*}, Silvia Lucrecia Dahinten¹, Rubén Ricardo Romero Saihueque²,
María C. Ávila-Arcos³ y María Laura Parolin¹

¹Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET), Puerto Madryn,
Chubut, U9120, Argentina

²Dirección de Asuntos Indígenas. Subsecretaría de Derechos Humanos. Ministerio de
Gobierno y Justicia del Chubut, Rawson, Chubut, U9130, Argentina

³International Laboratory for Human Genome Research, Universidad Nacional
Autónoma de México (UNAM), Santiago de Querétaro, 76230, México

Silvia Lucrecia Dahinten: dahinten@cenpat-conicet.gob.ar

Rubén Ricardo Romero Saihueque: romerosaihueque@yahoo.com.ar

María C. Ávila-Arcos: mavila@liigh.unam.mx

María Laura Parolin: parolin@cenpat-conicet.gob.ar

*ctamburrini@cenpat-conicet.gob.ar; @camitamburrini

Resumen

Los debates éticos en torno a la investigación del ADN antiguo (ADNa) anteceden a los avances tecnológicos que condujeron a la generación acelerada de datos genómicos antiguos; lo que revela la deuda que, desde hace tiempo, tenemos sobre el tema. Dados los variados conflictos que ha suscitado la genómica hacia las comunidades asociadas a los antepasados humanos no vivos (ANV), la literatura de referencia ha sugerido abordar las implicancias éticas y legales del estudio genético de poblaciones humanas actuales y antiguas con un enfoque *caso-a-caso*. Sin embargo, hasta el momento, el foco de las discusiones ha estado centrado en y desde una perspectiva estadounidense y europea. Con el propósito de contribuir desde un posicionamiento local y latinoamericano a la problemática, presentamos la historia de consensos y disensos de las relaciones entre científicos y comunidades Originarias de la costa Atlántica de la Patagonia central argentina. Describimos como esas relaciones confluyeron en la sanción de una ley provincial pionera que reconoce el derecho de las comunidades Indígenas a participar en la toma de decisiones respecto de sus Ancestros. Asimismo, destacamos cómo estas relaciones establecidas permitieron el desarrollo de los estudios de ADNa. Con estos antecedentes, abordamos las principales preocupaciones éticas mencionadas en la literatura de referencia, referentes al estudio genómico de Ancestros y nos comprometemos a aplicar algunas de las recomendaciones sugeridas en las guías éticas. Luego, reflexionamos sobre las posibles consecuencias negativas de la investigación en curso y proponemos algunas sugerencias basadas en experiencias personales que contribuirán a establecer una ciencia contextualizada con una perspectiva local.

Palabras clave: ADN antiguo, comunidades Mapuche-Tehuelche, cazadores-recolectores, Provincia del Chubut, ciencia sustentable

INTRODUCCIÓN

En la última década, el avance metodológico y el aumento en poder de análisis por métodos bioinformáticos (Orlando et al., 2021), propiciaron el incremento de publicaciones de ADN antiguo (ADNa) como así también el número de muestras incorporadas, principalmente, en estudios de antepasados humanos no vivos (ANV) Ancestros de comunidades Indígenas contemporáneas (Di Fabio Rocca, Russo, Arencibia, & Seldes, 2021; K. S. Tsosie, Begay, Fox, & Garrison, 2020; Wagner et al., 2020). Algunos autores han incluso llegado a referirse al ritmo de la disciplina de ADNa como “similar al de una fábrica” (Fox & Hawks, 2019). Las discusiones éticas sobre la investigación genética de los Ancestros de las poblaciones Indígenas han sido tempranamente debatidas en la bibliografía (Harry, 2009; Harry & Dukepoo, 1998; Harry, Howard, & Shelton, 2000; Harry & Kaneche, 2006; Hublin et al., 2008; Kaestle & Horsburgh, 2002; O’Rourke, Hayes, & Carlyle, 2005; Sealy, 2003). Con el desarrollo de nuevas tecnologías y el bajo costo de la secuenciación, los estudios de ADNa han expandido su cobertura geográfica, y con ello, las preocupaciones éticas tal como podemos ver en el aumento de trabajos publicados sobre la temática (Alpaslan-Roodenberg et al., 2021; Ávila-Arcos, de la Fuente Castro, Nieves-Colón, & Raghavan, 2022; Bardill et al., 2018; Cortez, Bolnick, Nicholas, Bardill, & Colwell, 2021; di Fabio Rocca et al., 2021; Fleskes et al., 2022; Fox & Hawks, 2019; Haelewaters, Hofmann, & Romero-Olivares, 2021; Heidt, 2022; Somel, Altınışık, Özer, & Ávila-Arcos, 2021; K. S. Tsosie et al., 2021, 2020; Wagner et al., 2020; Wolinsky, 2019; Yáñez et al., 2022).

Históricamente, la investigación genética sobre individuos actuales y ancestrales con escasa o nula participación de otras partes relevantes ha tenido repercusiones controversiales y negativas en las comunidades Indígenas actuales. Esto ha provocado, con justa razón, un precedente de desconfianza de parte de las comunidades al momento de participar en esta clase de estudios (Claw et al., 2018; Cortez et al., 2021; Garrison et al., 2019; Harry, 2009). Si bien a la hora de abordar los estudios genómicos de ANV y sus implicancias éticas-legales se ha recomendado utilizar un enfoque contextualizado o como se menciona en la literatura *caso-a-caso* (Bardill et al., 2018; di Fabio Rocca et al., 2021; Wagner et al., 2020) desde nuestra perspectiva, consideramos que muchas preocupaciones ético-legales se limitan a los estándares requeridos para publicar. Estos estándares incluyen algún tipo de aproximación por parte de los investigadores a las comunidades locales asociadas con los Ancestros bajo estudio y a las autorizaciones para

la exportación de material arqueológico y/o para la realización de análisis locales. Sin embargo, estos estándares difícilmente satisfacen los principios mencionados en los trabajos que buscan mejorar la investigación arqueogenómica, ya que no consideran ni reflejan los posibles resultados éticos-sociales y las preocupaciones de las comunidades asociadas respecto a la investigación. Asimismo, estos estándares no abordan los aspectos históricos, culturales, políticos ni sociales de la región estudiada para garantizar un enfoque contextualizado.

Esta falta de preocupación por las consecuencias de la investigación y la falta de contextualización y compromiso con las comunidades locales descendientes de los Ancestros bajo estudio puede ser interpretada como una consecuencia de la asimetría en las “relaciones centro-periferia” y en las “prácticas hegemónicas” desarrolladas por otros autores (Argüelles, Fuentes, & Yáñez, 2022; Ávila-Arcos et al., 2022; Yáñez et al., 2022). A partir de estas asimetrías, los intereses de los laboratorios líderes son priorizados por sobre los de aquellos participantes locales que no se ubican dentro del poder hegemónico (Argüelles et al., 2022). Por otra parte, el apuro por publicar artículos científicos en revistas de “alto impacto,” sumado a la creencia de que los datos de ADN son más valiosos que otros tipos de enfoques (Argüelles et al., 2022; Heidt, 2022), hace que la investigación genómica se anteponga a otras formas de conocimiento (como el cultural, los saberes Indígenas, la contextualización arqueológica y bioantropológica, entre otros); como también a las preocupaciones referidas a la conservación del patrimonio cultural y arqueológico del país de origen y el respeto por otras tradiciones y valores culturales. Además, la falta de valor otorgado a aquellos investigadores que invierten tiempo y esfuerzo en implementar un enfoque con estos principios se refleja en la falta de apoyo por parte de las agencias de financiamiento y en la necesidad de que las revistas científicas soliciten mayor transparencia e información detallada sobre estos aspectos como requisito para publicar. Esto contribuye a debilitar la investigación participativa que debe orientar las prácticas científicas. Como resultado, y tal como lo afirman otros, para algunos grupos de investigación del Norte Global, implementar altos estándares éticos en sus prácticas podría verse como “no práctico” (Heidt, 2022). Las consecuencias de esta “asimetría” y el apuro en publicar deja rezagado el marco legal y ético que deberían guiar los estudios genómicos cuando se trabaja con comunidades Indígenas. Afortunadamente, este escenario ha comenzado a cambiar gracias a actores comprometidos con los derechos

Indígenas, como los descendientes y los investigadores Indígenas (ver Fleskes et al., 2022).

Desde hace tiempo, algunos autores han dejado plasmada en la literatura disciplinar, sus preocupaciones en torno al estudio de ANV proponiendo guías y recomendaciones éticas (Alpaslan-Roodenberg et al., 2021; Bardill et al., 2018; Kaestle & Horsburgh, 2002; O'Rourke et al., 2005; K. S. Tsosie et al., 2020; Wagner et al., 2020) algunas de las cuales han sido criticadas (Fleskes et al., 2022; Somel et al., 2021; K. S. Tsosie et al., 2021; Yáñez et al., 2022). Pese a este interés, la falta de aplicación de estas recomendaciones sigue siendo significativa, al menos en estudios que involucran Ancestros de comunidades Indígenas del Cono Sur de Sudamérica. El trabajo publicado en 2021 por Di Fabio Rocca y colaboradores pone en evidencia este escenario en el contexto sudamericano demostrando que “solo el 7% de los estudios de ADN proveen ‘alguna’ evidencia de trabajo colaborativo con las comunidades Indígenas asociadas a los restos bajo estudio” (Di Fabio Rocca et al., 2021).

Argentina es uno de los países de Sudamérica con mayor número de estudios de ADN (Di Fabio Rocca et al., 2021); destacándose el sur Patagónico por presentar la mayor concentración de trabajos sobre esta temática. Las comunidades Indígenas patagónicas han sido centro de interés en el ámbito científico internacional, debido a que esta región fue el último reducto en ser colonizado por los humanos en su dispersión por las Américas. Bajo el concepto teórico de “centro-periferia”, Argentina, y en particular Patagonia, puede ser considerada en la periferia del poder, pero en el centro de la fuente de datos (Argüelles et al., 2022).

Normativa legal y relación comunidades Indígenas-comunidad científica en Argentina: breve contexto

El sistema de gobierno argentino establece la autonomía de sus provincias, lo que implica que cada una de ellas tiene competencias legislativas. En el contexto del trabajo aquí presentado, esto significa que cada provincia tiene la potestad de regular el patrimonio cultural y arqueológico que se encuentra en sus jurisdicciones bajo órganos de aplicación cuyas injerencias varían. Esto conlleva a un estado variado de la normativa legal con falencias propias de cada provincia, las cuales suelen responder a una visión del patrimonio que, como mencionan Endere, Mariano, Conforti, & Mariano (2014) no se

adecúa al contexto social del momento. Solo para ejemplificar, en Córdoba (una provincia localizada en el centro del país), existe la Dirección de Patrimonio Cultural, que funciona dentro de la órbita de la Agencia Córdoba Cultura, cuya función general es promover la conservación, promoción, enriquecimiento, difusión y extensión del patrimonio histórico, artístico y cultural de la provincia. La Dirección, por su parte, autoriza, entre otras cosas, la exportación al exterior de muestras biológicas para análisis genéticos y se encarga de acciones referidas a la gestión y preservación del Patrimonio Histórico Cultural. También existe el Registro y Consejo de Comunidades de Pueblos Indígenas de la Provincia de Córdoba, constituido por representantes de las comunidades reconocidas por el Instituto Nacional de Asuntos Indígenas (INAI) en dicha provincia. En las provincias de Salta y Jujuy (noroeste del país) no hay un Consejo o Dirección de Asuntos Indígenas (ni análogo) que intervenga en estos casos. En Salta, es el Museo de Antropología el que autoriza la toma de material para su análisis y envío fuera de dicha jurisdicción, el cual, a su vez, remite el pedido a la Subsecretaría de Patrimonio Cultural de la provincia. En Jujuy, por su parte, las autorizaciones son requeridas ante el sector de Patrimonio dependiente del Ministerio de Cultura y Turismo el que, en caso de excavaciones, requiere el permiso de alguna comunidad cercana al sitio. En la provincia de Catamarca (noroeste del país), es necesario solicitar permiso a la Dirección Provincial de Antropología para realizar las tareas arqueológicas de campo, órgano que exige el consentimiento por escrito de las comunidades Originarias del área de estudio, con o sin personería jurídica registrada en el INAI. Por su parte, la provincia del Chubut (Patagonia argentina), a la cual nos referiremos más adelante, cuenta con una Dirección de Asuntos Indígenas y una Subsecretaría de Cultura las cuales trabajan coordinadamente y constituyen un puente de comunicación con los investigadores.

La articulación entre los diferentes organismos provinciales y las comunidades Originarias es heterogénea y sería erróneo tratar de generalizar el estado de esta cuestión. Esta heterogeneidad se traduce también en las relaciones entre los centros científicos (incluidas otras instituciones como museos) y las comunidades Indígenas de las diferentes provincias, respecto del manejo del patrimonio arqueológico, incluidos sus Ancestros. Algunas de estas relaciones se han llevado a cabo con apoyo mutuo y colaboración. Ejemplo de esto es el trabajo realizado en el cementerio de la Misión Salesiana Nuestra Señora de La Candelaria, ubicada en la costa norte de Tierra del Fuego donde todas las

etapas de la investigación se realizaron con acompañamiento de la comunidad Rafaela Ishton, Selk'nam (García Laborde, Conforti, & Guichón, 2018; Motti et al., 2020) y la historia de las relaciones establecidas (no sin conflictos) entre la Comunidad Mapuche-Tehuelche Lof Fem Mapu de Santa Cruz y científicos, que terminaron con la creación de un Reservorio Transitorio Cogestionado para restos arqueológicos humanos en 2010 (Guichón et al., 2015; Nahuelquir et al., 2015). Asimismo, múltiples restituciones se han llevado a cabo conjuntamente entre científicos y comunidades Indígenas. Para una síntesis de las políticas de restitución en Argentina, su historia y los roles de las partes involucradas ver el trabajo de Endere (2020b).

Sin embargo, otras relaciones no han sido tan fructíferas, y han devenido en la interpelación de comunidades Originarias con denuncias públicas como el reciente caso de la comunidad *warpe* de la provincia de San Juan (http://www.unsj.edu.ar/home/noticias_detalle/5960/2) y en la imposibilidad de exportar muestras arqueológicas a Alemania para estudios genómicos (<https://tinyurl.com/35uu7kw7>). En el primero de los casos, si bien los permisos fueron otorgados por múltiples entes de la provincia, según parece, no se realizó la Consulta, Libre, Previa, Informada y Consentida acordada por el Convenio 169 de la OIT en la Ley 24.071 de alcance nacional (Tabla 1). En el segundo caso, los permisos fueron solicitados ante el INAI y la Dirección Provincial de Patrimonio Cultural de la provincia de Buenos Aires quien derivó los mismos al Consejo Indígena de Buenos Aires (CIBA) conformado por representantes de varias comunidades de la zona de estudio, algunos de los cuales estuvieron en desacuerdo con la exportación.

Las relaciones entre las diferentes instituciones gubernamentales y científicas y las comunidades Originarias no son estáticas ni únicas y sus relaciones han ido modificándose en las últimas décadas como resultado del avance legal y en el reconocimiento de los pueblos como sujetos de derechos en el marco de la reivindicación y reconocimiento Indígena (Endere, 2020b; García Laborde et al., 2018). Como se verá, en el caso particular de la provincia del Chubut, las alianzas y la posibilidad de obtener permisos por parte de las comunidades varía a lo largo del tiempo según la historia local y las relaciones particulares entre las comunidades Originarias y los científicos, por lo que tratar de generalizar, resultaría simplista y reduccionista invisibilizando la

heterogeneidad entre y dentro de las comunidades y las historias dinámicas de las relaciones sociales.

Dada la compleja realidad de Argentina en cuanto a las relaciones entre las comunidades Indígenas y los científicos e instituciones, atender las particularidades locales que involucran a las poblaciones Indígenas de la zona es fundamental para la producción de conocimiento consciente y respetuoso de la diversidad cultural. Creemos que compartir las experiencias de trabajo y hacer explícito el marco ético y legal del estudio de los Ancestros de las comunidades Indígenas por fuera de un contexto norteamericano y europeo, puede contribuir al avance de la disciplina a nivel global. Al mismo tiempo, la auto-reflexión basada en prácticas de trabajo nos ayuda a adaptar y avanzar nuestra normativa moral hacia una ciencia paleogenómica más sustentable y equitativa.

En este artículo, se tomará a la provincia del Chubut (Argentina) como objeto de estudio. Se describirá, sucintamente, la estructura de las comunidades Indígenas que habitan la provincia, las leyes provinciales que amparan los restos de sus Ancestros resguardados en el Repositorio Bioantropológico del Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET) y la historia de las relaciones que desde 1990 se construyen entre las comunidades Originarias y las arqueólogas y bioantropólogas de este instituto. Sobre la base de una revisión bibliográfica sobre aspectos éticos del trabajo científico que involucran datos de ADN de poblaciones Indígenas y con un enfoque local, se analizarán posibles “desencadenantes de conflictos” y en base a estos nos comprometemos a implementar conceptos teóricos y principios éticos recomendados en la literatura consultada. Finalmente, mencionamos posibles consecuencias negativas de las prácticas genómicas en el caso local y acercamos nuevas sugerencias que pueden ser de ayuda en contextos de estudios de ADN semejantes.

COMUNIDADES INDÍGENAS DE LA PROVINCIA DEL CHUBUT

Las poblaciones Indígenas de la Argentina fueron históricamente negadas en su existencia y por lo tanto, sus identidades culturales fueron reducidas e invisibilizadas. En gran parte de Patagonia, este proceso de exclusión y marginalización social tiene sus inicios en las campañas militares del siglo XIX, mediante las cuales se buscaba anexar la

región a la República. Esto tuvo como consecuencia el genocidio de las poblaciones Originarias (Bandieri, 2011). Este hecho, sumado a la idea de nación Blanca de ascendencia europea fomentada e instaurada por las políticas de estado de la época, contribuyeron a invisibilizar a los pueblos Originarios. Sin embargo, en las últimas décadas se ha ido revalorizando el carácter pluricultural y las cosmovisiones alternativas en toda América Latina, de la mano de la reivindicación de los pueblos Indígenas. En este sentido, se han implementado instrumentos jurídicos para la reivindicación y el reconocimiento histórico de dichas comunidades en Argentina, así como su inclusión para participar en los procesos de toma de decisiones sobre temas que les afectan directa o indirectamente. Para más información sobre los instrumentos legales y la historia Indígena en Argentina ver trabajos publicados (Endere, 2005, 2020a, 2020b), y compilaciones legislativas nacionales (Rodríguez, Depino, & Canet, 2015).

En lo concerniente a la provincia del Chubut, en 1994 se crea por ley el Registro de Comunidades Indígenas de la Provincia. Actualmente, el listado de comunidades Indígenas con personería jurídica registrada a través del Registro Nacional de Comunidades Indígenas (Re.Na.Ci) o registradas a nivel provincial, asciende a un total de 111 comunidades reconocidas legalmente. Con este número, Chubut se constituye en la cuarta provincia con mayor número de comunidades Originarias inscriptas. Dichas comunidades pertenecen a los pueblos Mapuche, Tehuelche y Mapuche-Tehuelche. La representación legal de estas comunidades se nuclea bajo la Dirección de Asuntos Indígenas, organismo creado en 2008. En el decreto provincial del año 2019, se pueden encontrar las misiones, funciones y requisitos para el cargo de Director de Asuntos Indígenas; entre las cuales se encuentra la de “[p]restar asistencia científica, técnica, jurídica, administrativa y económica a las comunidades Indígenas por cuenta propia o en coordinación con otras instituciones [...]” (Tabla 1). Por consiguiente, es de destacar que esta institución constituye un puente de comunicación entre las comunidades Indígenas y los diferentes organismos del estado y organizaciones científicas.

En el presente artículo, el término “miembros” o “individuos” de las comunidades Mapuche-Tehuelche se usará para referirse a las actuales poblaciones de la región. Por otra parte, es importante mencionar que los términos “Indígenas,” “Nativos” y “Originarios” se encuentran en revisión dentro de las comunidades de la provincia y será un tema a debatir en futuros encuentros con las comunidades. Hasta entonces y en acuerdo con el Director de Asuntos Indígenas de la provincia y coautor Ricardo Romero

Saihueque (RRS), se preferirá el término “comunidades Indígenas” para mencionar a las poblaciones actuales del área de estudio como ha sido sugerido por algunos autores, (Birney, Inouye, Raff, Rutherford, & Scally, 2021; Endere, 2020a; K. S. Tsosie et al., 2020) y definido en la Ley Nacional n° 23302/85 de 1985 (Tabla 1). Además, se utilizará el término "pueblos Originarios", ya que es un término común utilizado entre miembros de las comunidades Indígenas del Chubut. Se evitará el uso de “comunidades Nativas Americanas” como ha sido aconsejado en diversos estudios (Birney et al., 2021; K. S. Tsosie et al., 2020). Asimismo, siguiendo el pensamiento respetuoso implementado por investigadores comprometidos con los derechos indígenas, se evitará el uso del término restos humanos antiguos, y en su lugar se utilizará antepasados humanos no vivos (ANV) o Ancestros cuando se haga referencia a las poblaciones humanas pasadas que son sujeto de estudios arqueogenómicos (Bardill et al., 2018; Claw et al., 2017; Fleskes et al., 2022). Cabe señalar que esto no será posible cuando se haga referencia a nombres o descripciones de leyes establecidas o lineamientos éticos, o en casos donde la mención corresponda a una cita directa.

Tabla 1: Descripción de las leyes y normativas éticas mencionadas en el texto. Para más información, visitar los links de acceso

Ley o guía ética	Año	Alcance	Descripción	Accedido
Ley N° 23.302	1985	Nacional	La ley declara de interés nacional la participación de los pueblos Indígenas en el desarrollo socioeconómico y cultural de la Nación. Se crea el Registro de Comunidades Indígenas y el Instituto Nacional de Asuntos Indígenas (INAI)	http://servicios.infoleg.gob.ar/infolegInterneta/anexos/20000-24999/23790/texact.htm
Ley N° 24.071	1992	Nacional	La ley ratifica el Convenio 169 de la OIT sobre Pueblos Indígenas y Tribales en Países Independientes a través del cual los gobiernos nacionales y las partes se comprometen a respetar los derechos de los pueblos Indígenas establecidos en el Convenio.	https://www.argentina.gob.ar/normativa/nacional/ley-24071-470/texto
Ley I N° 171 (antes Ley 4013)	1994	Provincial	Se crea el Registro Provincial de Comunidades Indígenas de Chubut. Se establecen requisitos para el proceso de registro	https://digesto.legislaturadelchubut.gob.ar/1xl/I-171.html
Ley N° 25.517	2001	Nacional	En virtud de esta ley, se exige poner a disposición de los pueblos Indígenas reclamantes los restos mortales de sus antepasados que se encuentren en museos y colecciones públicas o privadas. Respecto de aquellos restos no reclamados por ninguna comunidad, la ley faculta instituciones de resguardo para su custodia. El consentimiento informado es obligatorio para realizar cualquier estudio científico relacionado con la herencia Indígena	http://servicios.infoleg.gob.ar/infolegInterneta/anexos/70000-74999/70944/norma.htm ; http://servicios.infoleg.gob.ar/infolegInterneta/verNorma.do?id=167618
Declaración de Río Cuarto	2005	Nacional	La Declaración reconoce la contribución de la ciencia al pasado Indígena y el derecho de las comunidades Indígenas a decidir sobre su patrimonio cultural. Se proclama en contra de la exhibición de restos humanos en museos y llama a los investigadores a colaborar en las restituciones de restos humanos alojados en repositorios públicos y privados. Se hace explícita la necesidad de contar con el consentimiento previo de las comunidades para realizar investigaciones arqueológicas	https://docer.com.ar/doc/sncnx50
CONICET Resolución 2857	2006	Nacional	Establece los lineamientos para el comportamiento ético en las Ciencias Sociales y Humanidades de los investigadores con respecto a las personas sujeto de estudio; a la sociedad en general y a su propio quehacer	https://www.conicet.gov.ar/wp-content/uploads/RD-20061211-2857.pdf
Declaración de la AABA [†]	2007	Nacional	La declaración designa un comité para elaborar un Código de Ética con el objetivo de hacer efectiva la participación de los pueblos Indígenas en relación con su patrimonio cultural. También se proclama en contra de la exhibición de restos humanos y a favor de promover y realizar la restitución de restos humanos sobre la base del respeto mutuo	https://asociacionantropologiabiologicaargentina.org.ar/wp-content/uploads/sites/9/2019/12/Declaracion-AABA-Restos-Humanos.pdf
Ley XI N°11 (antes Ley 3559)	2010	Provincial	Las ruinas, sitios arqueológicos, antropológicos y paleontológicos se declaran de dominio público del Estado Provincial y se crea un registro para dar cuenta de ese material patrimonial. Es obligatorio contar con el consentimiento de la Subsecretaría de Cultura de la Provincia antes de entregar y/o transportar cualquier material patrimonial fuera del territorio provincial	https://digesto.legislaturadelchubut.gob.ar/1xl/XI-11.html
Código de ética de la AAPRA [‡]	2010	Nacional	El Código establece una lista de deberes y obligaciones de los científicos en relación con a) su profesión, b) el patrimonio arqueológico, y c) la relación entre arqueólogos-arqueólogos y arqueólogos-comunidades locales independientemente de su origen étnico	http://www.aapra.org.ar/wp-content/uploads/2019/06/AAPRA-Código-de-Ética-Profesional.pdf

Mesa de Diálogo Intercultural	2011	Nacional	En esta Declaración, los actores involucrados se comprometen a respetar la Ley 25.517. Promover espacios de diálogo y participación y seguir un protocolo ad-referéndum de Consentimiento Libre, Previo e Informado también está entre los lineamientos de esta Declaración.	https://www.equiponaya.com.ar/eventos/8jap.htm
Ley V N° 159	2018	Provincial	La provincia adhiere a la Ley Nacional 25.517. Establece como autoridad de aplicación de esta ley a la ahora denominada Subsecretaría de Cultura de la Provincia.	https://digesto.legislaturadelchubut.gob.ar/lxl/V-159.html
Decreto N° 1276	2019	Provincial	Esta ley define la Dirección de Asuntos Indígenas bajo la Subsecretaría de Derechos Humanos. Las autoridades legales, funciones y obligaciones se definen bajo esta ley.	https://boletin.chubut.gov.ar/archivos/boletines/Febrero%2027,%202020.pdf

†AABA: Asociación de Antropología Biológica Argentina; ‡AAPRA: Asociación de Arqueólogos profesionales de la República Argentina

REPOSITORIO BIOANTROPOLÓGICO RESGUARDADO EN EL IDEAUS

El Repositorio Bioantropológico se encuentra actualmente resguardado en las instalaciones del IDEAus-CONICET, de la ciudad de Puerto Madryn. Este fue designado en 1988 como repositorio oficial de materiales bioantropológicos y arqueológicos de la Provincia del Chubut (Figura 1) y es, actualmente, cogestionado por la Subsecretaría de Cultura de la Provincia del Chubut y por el instituto IDEAus-CONICET (Millán & Dahinten, 2019).

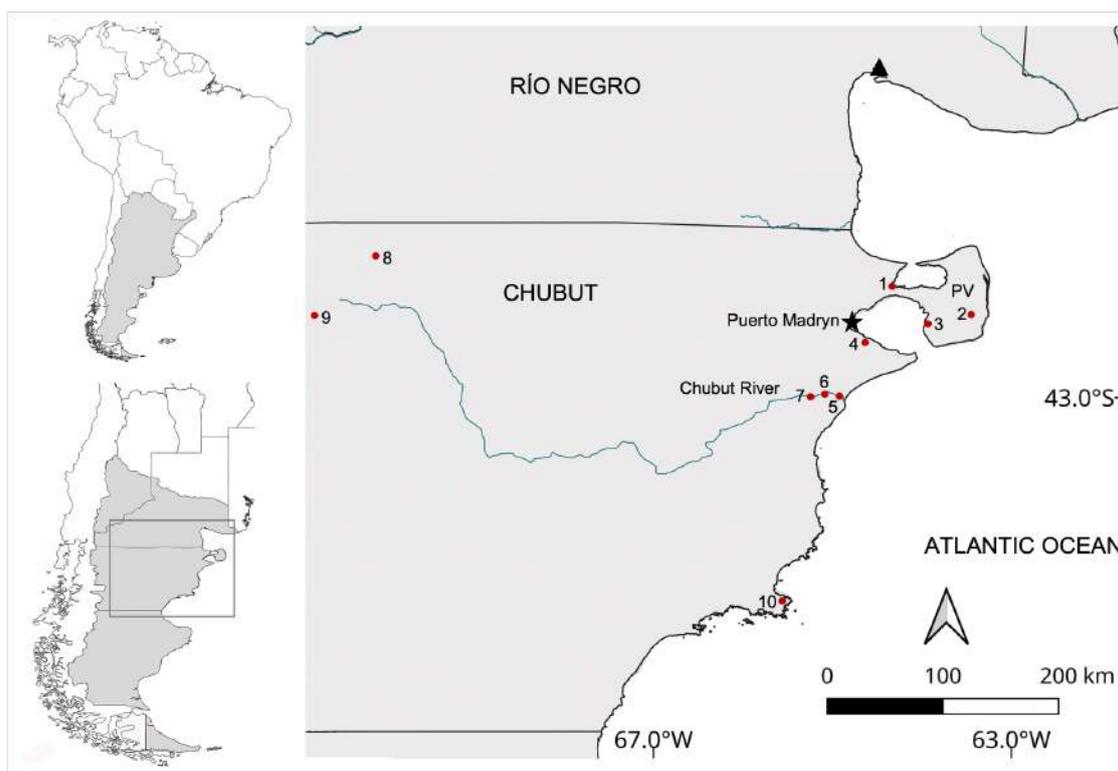


Figura 1: Ubicación de los sitios arqueológicos de los cuales se cuenta con muestras de individuos Ancestrales para los estudios paleogenómicos desarrollados en el Laboratorio Internacional de Investigación sobre Genoma Humano, de la Universidad Autónoma de México (LIIGH-UNAM, México). El número de individuos por cada sitio se especifica entre paréntesis. Un punto rojo puede corresponder a más de un sitio arqueológico. 1. Riacho San José - Punta Mejillón (1); 2. Estancia Valdés (1); 3. San Pablo 4 (2), Pirámides site 3 (2); 4. Médano Grande S3 (1), Cerro Avanzado (3); 5. Chacra de Lagos (1); 6. Cinco Esquinas 1 y 2 (6); 7. Chacras (6): sitios 192, 247 275, 282 y 376, Loma Torta 1 y 2 (3), Bryn Gwin (1); 8. Gastre (2); 9. Piedra Parada SC1 y SC2 (3); 10. Cabo Dos Bahías (6). Otros lugares mencionados en el texto principal: la ciudad de Puerto Madryn se ubica en la estrella; los sitios arqueológicos de la provincia de Río Negro se señalan con un triángulo negro, y las siglas PV corresponden a Península Valdés. Los puntos señalados como cinco y siete corresponden a las localidades de Rawson y Gaiman, respectivamente.

El repositorio alberga esqueletos completos o parciales de 227 individuos ancestrales exhumados mediante rescates arqueológicos de 81 sitios de Patagonia Central Argentina (diecisiete de los cuales han sido regresados a las comunidades de pertenencia al momento de esta publicación; ver Material Suplementario) (Millán & Dahinten, 2019), definida en este trabajo por las latitudes -42.0 y -46.0, límites de la provincia del Chubut. Otros dos sitios se ubican al sur de la provincia de Río Negro (sitios arqueológicos Abril y San Antonio Oeste) y corresponden a lo que definimos como la transición norte/centro de Patagonia (Figura 1). A ellos se agregan individuos provenientes de donaciones de terceros (aproximadamente 30 individuos) y 67 individuos de la Colección Bioantropológica Frengüelli-Brunet (Subsecretaría de Cultura del Chubut, expediente N°162-GB-97) custodiada por el IDEAus desde febrero del 2017 (Millán, Mohamed, & Dahinten, 2019) (Figura 1). A excepción de Catherine Robert-Davies, la primera persona de origen galés fallecida en Chubut en 1865 (Dahinten, Gómez Otero, Suby, Coronato, & Vullo, 2020) y de cinco individuos vinculados con el Fuerte San José, (el primer y esporádico asentamiento militar español fundado en 1779 en Península Valdés) (Buscaglia et al., 2012) (Figura 1), los demás individuos pertenecen a poblaciones cazadoras-recolectoras, ancestros de las poblaciones Originarias que actualmente habitan la Patagonia Central Argentina.

Algunas leyes provinciales protegen el repositorio mencionado a partir de la implementación de normas sobre el patrimonio arqueológico. La Subsecretaría de Cultura del Chubut y el Instituto Nacional de Asuntos Indígenas (INAI) son los entes reguladores provincial y nacional, respectivamente. En 2018, se incorporó al marco legislativo un Protocolo para el Tratamiento de los Restos Arqueológicos Humanos (Ley Provincial V número 160). Esta ley se considera un importante avance en los derechos de los pueblos Indígenas de la provincia y ha sentado precedentes a nivel nacional para el trabajo conjunto entre los pueblos Originarios y la comunidad científica. Además de las normas legales mencionadas, existen otros lineamientos éticos que regulan el trabajo científico con Ancestros de poblaciones Indígenas y que reconocen el derecho de las comunidades Indígenas a decidir sobre su patrimonio cultural. La descripción de los puntos principales de cada ley y guías éticas se encuentra en la Tabla 1.

Cabe destacar que la implementación de estas normativas éticas y legales significó años de interpelaciones y reclamos por parte de las comunidades Mapuche-Tehuelches involucradas y de las investigadoras que, desde 1990, trabajan en el rescate y estudio de

los ancestros. En la siguiente sección, sintetizaremos la historia de las relaciones entre ambos grupos, según la visión y narrativa de Julieta Gómez Otero (JGO), la principal arqueóloga implicada y según la perspectiva y experiencia del representante de la Dirección de Asuntos Indígenas de la Provincia y miembro de la comunidad Mapuche-Tehuelche, Ceferino Namuncurá-Valentín Sayhueque, RRS, quien participó activamente en la sanción de la Ley Provincial V número 160.

HISTORIA DE LAS RELACIONES ENTRE LOS CIENTÍFICOS DEL IDEAUS Y LAS COMUNIDADES ORIGINARIAS DE LA PROVINCIA DEL CHUBUT

La perspectiva de una científica (JGO – IDEAUS)

La narrativa aquí presentada fue extraída de la disertación de JGO “Rescate y restitución en la Provincia de Chubut: recorridos, conflictos y aprendizajes” presentada durante el XII Congreso Argentino de Antropología Social (2021), disponible en YouTube (<https://www.youtube.com/watch?v=PyEw6H8CGbc>) y de otros trabajos publicados por la misma investigadora.

Según JGO, las relaciones entre los científicos y las comunidades Mapuche-Tehuelche locales vinculadas con los Ancestros que componen el repositorio se fueron construyendo a partir de la década de 1990. En sus inicios, los científicos se regían solamente por el marco normativo de la Ley 3559, el cual no establecía la necesidad ni la obligatoriedad de consultar a las comunidades Originarias sobre sus Ancestros. A partir del año 2010 y debido a reiteradas interpelaciones por parte de las comunidades Mapuche-Tehuelche de la zona, las investigadoras cesaron su intervención en los rescates (Gómez Otero, 2012). Devino, entonces, una etapa de discusiones que condujo, finalmente, al diálogo y al trabajo conjunto basado en el respeto mutuo y la pluralidad de voces. A través de este acercamiento, las científicas involucradas entendieron que los reclamos de las comunidades Indígenas no estaban dirigidos hacia sus personas, sino hacia “la ciencia” que los investigadores representaban. La ciencia que históricamente [en palabras de JGO] “los había cosificado, avasallado y apoderado de sus memorias ya desde fines del siglo 19, la ciencia aliada de la conquista del desierto.” A partir del año 2013 comenzaron las restituciones (ver Material Suplementario), este hecho sirvió de base para cimentar la confianza que se fue consolidando en los años siguientes. Fue en 2016, ante la presencia

de 120 miembros de las comunidades Indígenas del Chubut, cuando se creó el Consejo Provincial de Restitución de Restos Óseos Originarios. Para entonces, las intervenciones de la investigadora y su equipo habían cesado. Sin embargo, debido a los repetidos casos de destrucción y saqueo de sitios arqueológicos encontrados fortuitamente, los representantes de las comunidades Originarias del Nordeste del Chubut permitieron el rescate de un enterratorio ya alterado y en riesgo de destrucción y/o saqueo (sitio Loteo Don Emilio Ruta 25, ciudad de Rawson; Figura 1). Según JGO, el acercamiento basado en el respeto cultural mutuo entre ambas partes involucradas permitió que se reanudara la labor arqueológica

La perspectiva de un miembro de la comunidad Mapuche-Tehuelche (RRS)

RRS incluye su punto de vista respecto de las relaciones que se han ido forjando con la ciencia a través de una comunicación personal con la autora del presente artículo (CT). Las palabras textuales de RRS se indican entre comillas, y las aclaraciones narrativas se hacen entre paréntesis y corresponden a palabras de CT.

En palabras de RRS: “Lo que te voy a decir hoy es mi forma de pensar como Originario. Te voy a hablar en la cosmovisión de acuerdo con mi pensamiento, a lo que he ido aprendiendo y proyectando como un integrante de una comunidad en este camino de reivindicar a nuestro pueblo.”

La comunidad Mapuche-Tehuelche Ceferino Namuncura-Valentín Sayhueque, comunidad de pertenencia de RRS, se registró en el año 2009 en el Registro Provincial de las Comunidades Indígenas con base en el departamento de Gaiman (Figura 1). En febrero del 2008, se había efectuado el rescate del sitio arqueológico Loma Torta, ubicado en la localidad homónima del departamento; rescate que luego de ser restituido, se constituiría en un hito para la sociedad en general y, en especial, para las comunidades de pertenencia. Promovidos por los abuelos de la comunidad, quienes resaltaron la importancia de que sus Ancestros regresaran a Loma Torta, los representantes de la comunidad se contactaron con JGO. Entre los años 2010 y 2011 RRS y otros delegados visitaron el CENPAT con el propósito de conocer el lugar donde se encontraban resguardados sus ancestros. En junio del 2010, en el Concejo Deliberante de Gaiman, referentes de comunidades Originarias de Puerto Madryn, Rawson, Trelew, Gaiman y Dolavon cuestionaron la labor de JGO y solicitaron la suspensión de los rescates, por

considerarlos profanaciones. Con relación a estos sucesos y al malestar y a las controversias suscitadas acerca de lo que significaba el trabajo de los científicos con sus Ancestros, RRS expresa en la actualidad: “Yo creo que se la prejuizó a Julieta ese día. Alguien quiso desahogarse diciéndole cosas a ellas. Luego yo le pedí mil disculpas” y reflexiona “todo sirve para que nos encaminemos, en esto de crecer [...]. En el momento que Julieta fue interpelada [el día que se llevó a cabo el Concejo Deliberante de Gaiman y en el cual se cuestionó el trabajo de JGO] era todo nuevo para nosotros [en relación con el trabajo científico y sus métodos].” A continuación, RRS expresa: “Nosotros como Originarios debemos sanar muchas cosas. Te hablo desde mi cosmovisión, yo particularmente también tengo que hacer un proceso de saneamiento [...] “el objetivo de lograr una restitución tiene que ser un momento de alegría y felicidad. Te lo digo hoy a la distancia. Al principio del proceso por supuesto no era fácil.”

En relación con el restablecimiento del trabajo junto a los científicos y de la labor que se viene desarrollando, RRS retoma el vínculo con el grupo de arqueología: “En este proceso de conocerse [con JGO y su equipo], aparecieron, no casualmente, otros restos arqueológicos de Ancestros en Bryn Gwyn, Gaiman.” Cabe aclarar que en el caso que menciona RRS, luego de participar en el trabajo de campo en enero de 2013 junto con el equipo de arqueólogos, y ante la afirmación de las comunidades de que sus Ancestros no se encontraban en riesgo de destrucción o saqueo, se decidió cubrir el sitio sin rescate. Este suceso dio inicio a una nueva forma de trabajo que luego sería sancionada mediante el Protocolo de Tratamiento de Restos Humanos Arqueológicos.

RRS continúa hablando de la relación con la ciencia en general y con JGO en particular: “Yo estoy muy contento de estar trabajando con el CENPAT [hoy IDEAUS-CONICET] y Cultura [Subsecretaría de Cultura de la Provincia]. Es como un respaldo. Qué bueno es lograr que ustedes nos escuchen, lo que resignifica en beneficio de la comunidad. [...] Estarán los hermanos y hermanas que, lógicamente, al no entender van a estar disconformes, pero como es un trabajo tan productivo yo creo que al poquito tiempo se van a dar cuenta que también se deben involucrar y que nada mejor que nosotros como Originarios para acompañarnos y que esos restos vuelvan a donde tienen que llegar y de la mejor manera.” A continuación, el representante explica muy claramente el rol del Estado y de los organismos competentes que deben responder y acompañar, tanto ética como legalmente sus reclamos; entre ellos, los rescates arqueológicos: “Están las instituciones como el CENPAT y como Cultura para acompañar este proceso. No

podemos ir y levantarlos por más que sean los restos de nuestros antepasados. No podemos porque estamos procediendo mal. Le estamos quitando el rol al Estado que nos debe acompañar. Son instituciones que deben acompañarnos. Esto también fue un debate hacia adentro de las comunidades. Yo mantenía esa postura: si nosotros vamos y levantamos los restos, ¿dónde los llevamos? ¿quién se va a hacer cargo? ¿con qué fundamento los levantamos? Es dejar de lado al Estado que es quien debe visibilizar ese trabajo para que tenga repercusión en la sociedad. Si no sería hacer un trabajo sin que se sepa.” Continúa: “El respeto no solo es del trabajo articulado entre los científicos y las comunidades. Debe haber un respeto institucional hacia nuestra gente; el máximo de los respetos y cuando digo el máximo me refiero a la coordinación con los diferentes organismos del Estado quienes deben estar presente no solamente en la gestión sino también a la hora de las restituciones, de manera que eso provoque una reacción en la sociedad. Tenemos que hacer el trabajo de tan buena manera para que la sociedad entienda (sin imposiciones ni cuestionamientos) que no se puede llevar adelante un pueblo, una ciudad, las distintas culturas no pueden continuar adelante sin antes reivindicar a los pueblos Originarios, al menos comenzando por su cultura, por el acompañamiento a cada acto cultural. Después vendrá lo más difícil que es lo que tiene que ver con la territorialidad, de la mano de conseguir el reconocimiento de un genocidio [...]”

Acerca de su participación en la Ley Provincial V número 160, RRS expresa la necesidad de continuar trabajando en un marco legal que respalde y normalice el trabajo científico con las comunidades y sus Ancestros.

Protocolo de Tratamiento de Restos Arqueológicos Humanos: sanción de la Ley provincial V número 160.

Un hecho significativo surgido en la construcción de las relaciones científicos-comunidades Indígenas, y reconocido tanto por JGO como por RRS, fue la sanción por ley del Protocolo de Tratamiento de Restos Humanos Arqueológicos (disponible en <https://digesto.legislaturadelchubut.gob.ar/lxl/V-160.html>). Esta Ley fue sancionada en 2018, y es el resultado de años de negociaciones, encuentros y acuerdos entre la Subsecretaría de Cultura, el Ministerio Público Fiscal, la policía provincial, la Dirección de Asuntos Indígenas, las comunidades Originarias y el IDEAUS-CONICET (Millán & Dahinten, 2019). Estas organizaciones la consideran un avance crucial en el proceso de reivindicación de las comunidades locales, ya que fue esta ley, la que permitió que las

comunidades comenzaran a tener un rol fundamental en la toma de decisiones respecto de sus Ancestros.

Las tareas de rescate, establecidas por la ley, consisten en una verificación *in-situ* de los restos de los Ancestros hallados y denunciados ante la policía local. Al lugar asiste la policía local, miembros de la Subsecretaría de Cultura de la provincia, representantes de la Dirección de Asuntos Indígenas y los investigadores. Una vez corroborado que los restos pertenecen a poblaciones Originarias, se evalúan y consensuan las medidas preventivas a llevar a cabo para evitar el saqueo y la destrucción del sitio, ya sea por procesos tafonómicos o antrópicos. Las posibles acciones sancionadas en la Ley son: a) rescate con extracción completa; b) ampliación de la excavación, toma de muestras y preservación de los demás restos ancestrales y materiales asociados; c) protección del sitio sin intervención; d) otras no contempladas en la ley. En aquellos casos en que se acuerde la extracción completa o parcial de los restos de los Ancestros, éstos son resguardados en el Repositorio Bioantropológico IDEAus-CONICET hasta que las comunidades locales soliciten su restitución a través de la Dirección de Asuntos Indígenas. Es importante resaltar que conforme a la ley, los científicos involucrados tiene voz pero no voto en la toma de decisiones de las acciones preventivas antes mencionadas.

Como resultado de la implementación de esta nueva forma de trabajo, incluso antes de que fuera sancionado por ley, los científicos pudieron retomar los estudios bioarqueológicos. De este modo, entre los años 2019 y 2021, se efectuaron ocho rescates en conjunto con las comunidades (ver Material Suplementario). Hasta la fecha, varios estudios tales como dataciones radiocarbónicas, análisis de isótopos estables (^{13}C y ^{15}N) y estudios de perfil biológico de los individuos (sexo biológico, edad y estatura) (Millán, Gómez Otero, & Dahinten, 2013; Millán et al., 2021; Scheinsohn et al., 2017) de morfometría craneana y postcraneana (Gómez Otero & Dahinten, 1998), de estilos de vida y estado nutricional (Gómez Otero, Belardi, Tykot, & Grammer, 2000; Gómez Otero & Novellino, 2011), y análisis paleopatológicos (Gómez Otero & Novellino, 2011; Suby, Millán, Gómez Otero, & Dahinten, 2017) se han realizado sobre los individuos resguardados en el Repositorio.

GENÓMICA EN EL CAMPO

A fin de complementar los estudios llevados a cabo hasta el momento y con el propósito de indagar sobre las particularidades biológicas de las poblaciones ancestrales de las actuales comunidades de la región, en el año 2017 se iniciaron estudios genómicos sobre los individuos resguardados en este Repositorio. En el marco del proyecto doctoral de CT, se solicitaron los permisos correspondientes ante el Consejo de Bioética del Hospital Zonal de Puerto Madryn y ante la Dirección del Área de Salud del Programa Chubut Norte (Resolución número 04/17).

Dado que para el año 2017 Argentina no contaba con las instalaciones necesarias para llevar a cabo un estudio de ADN bajo los estándares que garantizaran la autenticidad de los resultados, se estableció una colaboración binacional entre el IDEAus-CONICET y el Laboratorio de Genómica Evolutiva y de Poblaciones del LIIGH-UNAM de México. Como el procesamiento de las muestras se realizó en un laboratorio ubicado en el exterior de Argentina, se solicitó autorización a la Subsecretaría de Cultura de la Provincia del Chubut y al Instituto de Antropología y Pensamiento Latinoamericano (INAPL) para la exportación y análisis de ADN de las muestras arqueológicas (resoluciones 35 2018/DI-SC y DI-2018-15-APN-INAPL#MC, respectivamente). Estas entidades regulan la legislación vigente con respecto al tratamiento de los materiales arqueológicos en la Argentina. Por otro lado, la institución receptora (LIIGH-UNAM, México) expresó su consentimiento con relación a la recepción, almacenamiento y procesamiento de las muestras biológicas de los Ancestros.

Es importante mencionar que el acuerdo binacional LIIGH-UNAM/ IDEAus-CONICET se basa en una cooperación equitativa e *in-situ*, tal como ha sido recomendado en la literatura (Argüelles et al., 2022; Ávila-Arcos et al., 2022; Haelewaters et al., 2021; Somel et al., 2021). En línea con este compromiso, el procesamiento de las muestras arqueológicas y el análisis de datos fue realizado por un miembro de IDEAus-CONICET (CT) bajo la tutela y supervisión de investigadoras y estudiantes del Laboratorio de Genómica Evolutiva y de Poblaciones del LIIGH-UNAM. El apoyo en infraestructura y capacitación por parte de aquellos laboratorios que cuentan con los recursos necesarios para llevar adelante trabajos genómicos fortalece a los investigadores locales en la toma de decisiones y construye lazos de colaboración reales y sostenibles en el tiempo (Argüelles et al., 2022; Ávila-Arcos et al., 2022; Haelewaters et al., 2021). Asimismo, los

vínculos que promueven la capacitación *in-situ* de los investigadores locales o de aquellos laboratorios con menos recursos, brinda mayor seguridad a otros actores implicados, como las comunidades Indígenas, con respecto al tratamiento, estado y seguimiento de las muestras de sus antepasados. Sin lugar a dudas, este procedimiento genera mayor confianza que aquel que consiste en enviar las muestras al exterior del país actuando los investigadores meramente como “proveedores de muestras” (Argüelles et al., 2022).

En el marco de esta colaboración, hasta la fecha se ha analizado ADN de 38 individuos provenientes de 21 sitios arqueológicos (Figura 1). Como se muestra en la Figura 1, la mayoría de las muestras fueron obtenidas de sitios arqueológicos localizados en la vertiente Atlántica de la provincia del Chubut. Las mismas presentan un rango temporal que va desde los 3000 hasta los 250 años antes del presente. El estado general de cada una de ellas fue analizado por el método de secuenciación *shotgun*. Aquellas muestras que presentaron un buen estado de preservación fueron capturadas para ADN mitocondrial usando el mismo extracto de ADN. La información generada a partir del estudio del Repositorio Bioantropológico que compete al presente artículo, se encuentra resguardado en el LIIGH-UNAM México, bajo estrictas normas de seguridad y acceso restringido a personal autorizado. Una cámara de seguridad y acceso con contraseña asegura el material arqueológico de los Ancestros y los datos generados a partir de su estudio.

Si bien hasta el momento no se han hecho publicaciones, algunos resultados preliminares han sido reportados en conferencias nacionales en Argentina (Millán et al., 2021; Parolin, Bravo-López, et al., 2019; Parolin et al., 2017; Parolin, Galimany, et al., 2019; Tamburrini et al., 2019) y comunicados a la Subsecretaría de Cultura y a las comunidades de pertenencia mediante informes escritos y encuentros presenciales, respetando, así, la legislación actual, la cual establece la obligatoriedad de difundir los resultados de las investigaciones científicas (Tabla 1).

Investigación genómica en poblaciones Ancestrales: experiencias y perspectivas globales consideradas en un caso local

Tal como exponen varios autores, las narrativas genéticas y paleogenéticas pueden entrar en conflicto con la cultura y la historia de las comunidades llegando incluso a estigmatizarlas (Garrison et al., 2019; Harry, 2009; Hudson, 2009; Hudson et al., 2020;

Schwartz-Marin, 2015; K. S. Tsosie et al., 2020), generando, de este modo, un impacto negativo en las comunidades Indígenas, hecho que R. Tsosie (2007) ha definido como “daño cultural.” El largo historial de investigaciones científicas llevadas a cabo sin el correspondiente marco ético y la falta de consulta a las comunidades involucradas en los estudios, han contribuido a generar un ambiente de desconfianza en su relación con la ciencia (Claw et al., 2018; Garrison et al., 2019; Heidt, 2022; Hudson et al., 2020; K. S. Tsosie et al., 2020; Wolinsky, 2019). Por otra parte, el uso de un lenguaje inapropiado que no refleja al “otro” cultural (Birney et al., 2021; Garrison et al., 2019), o bien que lo estigmatiza, asociado a la falta de consultoría (Claw et al., 2018; Cortez et al., 2021; Garrison et al., 2019; Harry, 2009; Hudson et al., 2020; Schwartz-Marin, 2015; Wolinsky, 2019), la utilización secundaria de los datos sin previa autorización de las comunidades (Garrison et al., 2019; Harry, 2009; McInnes, 2011; Wiwchar, 2004) y la ausencia de compromiso en la divulgación de los resultados, ha sido una práctica frecuente.

A fin de examinar nuestras propias prácticas profesionales en el marco del creciente avance de las ciencias genómicas en Argentina, en este artículo abordamos las principales preocupaciones identificadas en la literatura de referencia. En colaboración con la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut, proponemos acciones en torno a estos temas para mitigar los posibles daños y fortalecer y profundizar el vínculo de confianza avalado por 31 años de trabajo entre los arqueólogos y bioantropólogos del IDEAus–CONICET y las comunidades Indígenas.

Al consultar la bibliografía, se identificaron algunas preocupaciones comunes a nivel global, las cuales serán mencionadas en este artículo como posibles “desencadenantes de conflictos.” Estos son: (1) soberanía genómica; (2) consentimiento informado inadecuado y uso secundario de los datos; (3) falta de participación y compromiso. Tras el análisis de estos disparadores de conflictos, nos comprometemos a implementar algunas recomendaciones y conceptos teóricos extraídos de la literatura consultada que creemos, favorecerán la construcción de un marco de referencia ético más equitativo y confiable para los estudios genómicos en desarrollo. La Tabla 2 sintetiza los disparadores de conflictos y las acciones basadas en ellos. Es importante mencionar que no todos los disparadores plausibles se encuentran aquí detallados ya que los factores que pudieran desencadenarlos deben ser entendidos y analizados en su contexto de aplicación. El presente artículo desarrolla aquellos que se consideraron relevantes y que están en concordancia con el caso particular de estudio que compete a este trabajo.

Algunos autores han puesto en discusión el derecho de las comunidades Indígenas a ser dueñas de los datos genéticos y del material biológico obtenidos a partir de sus estudios (Arbour & Cook, 2006; Garrison et al., 2019). Este debate debe ser interpretado e interconectado con el hecho de que muchos pueblos Indígenas tienen una conexión espiritual particular con sus cuerpos, incluido su ADN (Harry, 2009). Ejemplos mencionados en la literatura (Cosmai, Folguera, & Outomuro, 2013; R. Tsosie, 2007) incluido, en 2010, el pedido de las comunidades Mapuche-Tehuelche de la Provincia del Chubut de cesar la actividad arqueológica de los científicos, ponen de relieve el hecho de que las comunidades del presente también se sienten afectadas por los estudios de sus ancestros. Esto ha sido también mencionado ampliamente en la literatura (Bardill et al., 2018; Harry, 2009; Harry & Dukepoo, 1998; Harry et al., 2000; TallBear, 2013).

Acciones implementadas en base a las recomendaciones tomadas de la literatura: Para generar confianza mediante el ejercicio de la soberanía genómica, apelamos al concepto de “ADN en préstamo” desarrollado por Arbour y Cook (2006). Bajo la implementación de este concepto, las muestras de los Ancestros de las comunidades del Chubut provenientes del Repositorio Bioantropológico custodiado en IDEAus-CONICET y los resultados genómicos generados, son propiedad de las comunidades de pertenencia.

Para poner este concepto en práctica, propusimos con el Director de Asuntos Indígenas (RRS) erigir en un marco legal las prácticas de ADN a mediante la extensión del alcance del Protocolo de tratamiento de restos de Ancestros desarrollado anteriormente en este manuscrito (Ley provincial V número 160). Si bien los estudios de ADN están expresamente contemplados en esta ley (capítulo 3; artículo 9), esta sólo establece que el Poder Ejecutivo Provincial debe destinar un presupuesto anual para cubrir gastos de datación, ADN e isótopos estables, entre otros estudios. Las acciones que aquí se proponen se refieren a incorporar en la ley la obligación de los científicos de generar registros específicos de ADN en cuanto a 1) forma y lugar de almacenamiento y cuidado tanto del material arqueológico extraído para estudios de ADN como de los productos asociados obtenidos durante su procesamiento, 2) la cantidad estimada de extracto de ADN (ml) restante si lo hubiere y lugar de almacenamiento de la información genética bioinformática obtenida. Además, pretendemos establecer en esta ley el

protocolo de devolución del material arqueológico remanente y los extractos de ADN a la Dirección de Asuntos Indígenas si así lo solicitasen. Por supuesto, esto llevará tiempo de hacer efectivo. Mientras tanto, implementamos este concepto informando todos estos puntos mencionados a la Dirección de Asuntos Indígenas mediante nota firmada.

Cabe destacar que antes de la sanción de la ley, las arqueólogas y bioantropólogas implicadas en los rescates ya incorporaban aspectos generales de este concepto en sus investigaciones, actuando como agentes de resguardo de los Ancestros y de los materiales asociados ante los agentes tafonómicos y antrópicos, hasta que, por voluntad de las comunidades se lleva a cabo el proceso de restitución. Hasta entonces, según lo establecido por protocolo, se autoriza a realizar estudios bioantropológicos. Extender este concepto y forma de trabajo al área de las ciencias genómicas significa avanzar en la construcción de una investigación más ética y sostenible, respetando las tradiciones y valores que las comunidades conservan de sus ancestros.

Tabla 2: Disparadores de conflictos y acciones propuestas basadas en los principios tomados de la literatura

Disparador de conflicto	Principio (s) tomados de la literatura	Acciones basadas en los principios
<i>Soberanía genómica</i>	Generar confianza: Ejercer gobernanza genómica (Hudson et al., 2020)	Implementar el concepto de ADN-en-préstamo; asegurar acceso y control completo de los datos por parte de los investigadores locales
<i>Consentimiento informado inadecuado y uso secundario de los datos</i>	Mejorar la rendición de cuentas: Formalizar el acceso a los datos y los acuerdos de uso secundario (Hudson et al., 2020)	Acordar consentimientos específicos e intercambio de datos con la DAI [†] ; Usar repositorios de acceso restringido
	Mejorar la rendición de cuentas: prevenir el mal uso de los datos (Hudson et al., 2020)	Informar sobre el marco ético y legal y la terminología adecuada
<i>Falta de participación y compromiso y transferencia inadecuada de los resultados de las investigaciones</i>	Mejorar la transparencia de las prácticas de investigación (Claw et al., 2018)	Implementar talleres anuales [‡] y comunicaciones frecuentes con la DAI [†]
	Construir competencia cultural (Claw et al., 2018) y mejorar la equidad: Recolectar información cultural apropiada (Hudson et al., 2020)	Implementar actividades culturales durante los talleres anuales [‡]
	Desarrollar capacidad de investigación en las comunidades (Claw et al., 2018) y Tema educativo (Wagner et al., 2020)	Implementar charlas y materiales educativos apropiados para con miembros de las comunidades Indígenas
	Difundir los hallazgos en un formato accesible para la comunidad (Claw et al., 2018)	Definir durante los talleres anuales [‡] los métodos apropiados para difundir los hallazgos de las investigaciones
	Recibir actualizaciones de investigación en desarrollo (Hudson et al., 2020) y Comunicación de actualizaciones y resultados (Wagner et al., 2020)	Comunicar periódicamente las actualizaciones de la investigación genómica a los miembros de la DAI [†] y a la Subsecretaría de Cultura
	Mejorar la equidad: Reconocer los derechos e intereses de la comunidad (Hudson et al., 2020), y co-autorías y co-presentaciones (Wagner et al., 2020)	Hacer explícito el marco legal y ético asociado a las muestras; presentar trabajos en coautoría con representantes Indígenas

[†]DAI: Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut

[‡]Se realizarán talleres anuales de transferencia de conocimientos con comunidades Originarias en acuerdo con la DAI. Resolución número 281/2022 S DDHH GCSG

Disparador de conflicto: consentimiento informado inadecuado y uso secundario de los datos

La confidencialidad, estigmatización y mal uso de la información genómica generada es otra preocupación que, según consta en la literatura consultada, frecuentemente, manifiestan las comunidades Indígenas (Blanchard, Outram, Tallbull, & Royal, 2019; Garrison et al., 2019; Harry, 2009; Hudson et al., 2020; TallBear, 2013; K. S. Tsosie et al., 2020). Este reclamo puede verse en una multiplicidad de ejemplos en los cuales, la utilización secundaria de los datos sin previa autorización de las comunidades ha generado descontento (Garrison et al., 2019; Harry, 2009; McInnes, 2011; Wiwchar, 2004). El “acceso abierto a los datos” (*Open data access*) ha sido una iniciativa propuesta con el fin de transparentar las investigaciones, posibilitando la reproducibilidad de los resultados (Hudson et al., 2020). Algunos estudiosos adhieren a estas políticas de acceso abierto (Alpaslan-Roodenberg et al., 2021); sin embargo, como ha sido señalado en la bibliografía estudiada, el alcance y el uso de la información genómica generada son aún desconocidos y el acceso abierto a los datos sin políticas restrictivas solo beneficia a la ciencia en detrimento de la gobernanza y la autodeterminación de las comunidades Indígenas (Garrison et al., 2019; Hudson et al., 2020; K. S. Tsosie et al., 2020).

Acciones implementadas en base a las recomendaciones tomadas de la literatura: En el presente artículo, proponemos implementar políticas restrictivas para el acceso a los datos genómicos (K. S. Tsosie et al., 2020) y, alternativamente, el uso de repositorios que brinden la seguridad necesaria para evitar el uso indebido de los datos generados, como ha sido recomendado por otros autores (Alpaslan-Roodenberg et al., 2021; Hudson et al., 2020). Complementariamente, en este trabajo se decidió implementar un formulario de transferencia de datos mediante el cual los investigadores que soliciten el acceso a los mismos deberán especificar los objetivos de uso. Este pedido será sometido a evaluación por parte de la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia, quien autorizará o no la transferencia de los datos genéticos según considere pertinente la demanda. También, mediante el formulario, se pretende dejar explícito el marco ético y legal que concierne a los Ancestros bajo estudio, así como la adecuada terminología asociada a estos y a las comunidades asociadas con los ANV (Tabla 2).

Disparador de conflicto: falta de participación y compromiso

La falta de compromiso e investigación participativa de parte de los científicos con las comunidades Indígenas ha sido una de las principales críticas observada en la literatura referida (Alpaslan-Roodenberg et al., 2021; Bardill et al., 2018; Claw et al., 2018; Garrison et al., 2019; Kaestle & Horsburgh, 2002; K. S. Tsosie et al., 2020; Wagner et al., 2020). La investigación basada en la participación activa de las comunidades ha sido ampliamente recomendada en la literatura para mitigar esta histórica falta de compromiso y fomentar la confianza con las comunidades Indígenas.

Acciones implementadas en base a las recomendaciones tomadas de la literatura: Como un primer acercamiento hacia la construcción de prácticas de investigación más sustentables y éticas, investigadoras del IDEAus-CONICET acordamos realizar con la Dirección de Asuntos Indígenas de la Provincia de Chubut, un taller bidireccional de transferencia de conocimientos con enfoque en las ciencias genéticas y saberes Indígenas que se implementará anualmente (Resolución número 281/2022 S DDHH GCSG). El objetivo principal de estos encuentros es establecer un enfoque más sostenible y equitativo de la investigación donde se debatan las consideraciones culturales y éticas de nuestro trabajo en consonancia con las voces de los pueblos Originarios. También pretendemos dialogar acerca de cómo compartir y mejorar la transparencia de las prácticas de investigación genómica realizadas sobre individuos actuales y antiguos, incorporando las preocupaciones e inquietudes de las partes involucradas. En el marco de estos objetivos, se integrarán actividades culturales a través de mesas de discusión, presentación de resultados genómicos y consensos sobre futuras metas de investigación.

Potenciales consecuencias no deseadas

A pesar de establecer acciones destinadas a evitar los disparadores de conflictos y daños que pudieran surgir en el caso local aquí presentado, no estamos exentos de los potenciales malos usos y consecuencias no deseadas que pudieran resultar de los estudios genómicos en desarrollo. Como primer punto, las comunidades Originarias no están exentas de los procesos dinámicos de consensos y disensos característicos de cualquier sociedad y, por lo tanto, las disputas internas son una consecuencia plausible de generarse en el marco de los estudios que estamos llevando a cabo. La implementación de encuentros con los miembros de las comunidades cada vez que fuera posible y la

implementación de talleres anuales es una forma de dar espacio a las diferentes opiniones y anticiparnos a estas problemáticas.

Interpretaciones sesgadas o equivocadas de los resultados de los estudios genómicos en desarrollo que pudieran afectar el estado legal de las comunidades es también una preocupación. En el marco de las luchas por la que se encuentran las comunidades Originarias del Chubut, es importante ser cuidadosos con la formulación y difusión de los resultados. Sabemos que, para muchas comunidades Indígenas, la idea de pertenencia e identidad trasciende las concepciones biológicas para insertarse en una idea enlazada a las experiencias de vida, conocimiento tradicional heredado de sus ancestros, creencias y conexión espiritual con la tierra y sus recursos (Blanchard et al., 2019; Endere, 2020a; TallBear, 2013; Wolinsky, 2019). En este marco y como ha sido referido por miembros de comunidades en algunos de los encuentros a los que asistimos, la genética no influye en la percepción de identidad de los miembros de las comunidades del Chubut. Esto hay que tenerlo presente cada vez que se discuta o divulga información genética/genómica en las distintas esferas sociales y académicas.

Por otro lado, en Argentina desde el año 2006 y en el marco de la ley Nacional 26.160, prorrogada ya en reiteradas oportunidades, se están llevando a cabo relevamientos territoriales con el objetivo de dar cumplimiento a lo establecido en la Constitución Nacional en materia de reconocimiento de la posesión y propiedad comunitaria de las tierras que tradicionalmente ocupan las comunidades Originarias (artículo 75, Inciso 17, de la Constitución Nacional y artículo 14 inc. 2 del Convenio 169 de la OIT) (Tabla 2). Lamentablemente, esto no ha sido llevado a cabo sin disputas (ver p.ej.: Cardín, 2019) y si bien el derecho a tierras está reglamentado por Constitución, no se debe menospreciar los indebidos usos políticos de los resultados que pudieran afectar derechos básicos como el derecho al acceso a tierras; menos cuando la falta de implementación de una política de orden público es una constante en varias provincias de nuestro país. Nuevamente afirmamos que, es importante ser cuidadosos en cómo transmitimos los resultados, dando espacio a el/los representante(s) a que opinen sobre las conclusiones a las que se llega en una investigación y transmitiendo que una problemática de orden público debe abordarse desde múltiples enfoques y con una perspectiva ético-social.

LECCIONES APRENDIDAS Y GUÍAS PARA EL DESARROLLO DE PROYECTOS FUTUROS

Desde el 2021 más de 13 guías han sido publicadas por investigadores y organizaciones profesionales (Fleskes et al., 2022). En este artículo no buscamos comparar ni criticar estas guías preexistentes, más aún cuando ningún marco puede abordar adecuadamente las preocupaciones de las partes interesadas (Fleskes et al., 2022). Para una comparación y discusión de las pautas publicadas hasta la fecha, se dirige al lector al trabajo de (Fleskes et al., 2022). El objetivo de nuestro trabajo es compartir las experiencias de un caso local y expandir las oportunidades de avanzar en los aspectos éticos que involucra el estudio de poblaciones ancestrales. Comprendemos que el caso aquí presentado tiene una historia de relaciones ya conformadas y que eso ha allanado el camino para las relaciones en el campo del ADN; por esto mismo, creemos que compartir estas experiencias puede servir como punto de partida para investigadores y partes interesadas que se encuentren en contextos locales con historias de conformación nacional y violencia poscolonial semejantes.

Como sabemos, el tiempo suele ser una variable en contra para cualquier proyecto de investigación; por consiguiente, acortar o hacer más eficientes sus distintas fases es un aspecto deseable de cualquier proyecto (Yañez et al., 2022). En este sentido y como punto fundamental de las investigaciones interdisciplinarias, es importante respetar el tiempo de cada una de las partes involucradas, tanto entre colegas de diferentes disciplinas (arqueología, bioantropología vs. genómica), como diferentes instituciones (LIIGH-UNAM, IDEAus-CONICET, Subsecretaría de Cultura y Dirección de Asuntos Indígenas) y otras personas o comunidades involucradas (miembros de comunidades Originarias y científicas) (Yañez et al., 2022). En nuestra experiencia, el acercamiento con la Dirección de Asuntos Indígenas, las comunidades y la Subsecretaría de Cultura significó resignar y reestructurar algunos objetivos del proyecto inicial para involucrarnos y aprender los aspectos éticos y legales del trabajo con ancestros de las poblaciones Originarias que actualmente habitan la provincia del Chubut. Conocer estos aspectos desde antes del inicio del proyecto hubiera permitido un acercamiento más real y situado entre las diversas partes en general y con las comunidades Indígenas y sus entes representantes en particular, a la vez que hubiera hecho más eficiente y rápida las fases subsiguientes de la investigación (Tabla 3).

Tabla 3: Recomendaciones en las distintas fases en el desarrollo de un proyecto que involucra análisis de ADN antiguo (ADNa), en base a la experiencia del caso local. DAI: Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut

Desarrollo de proyectos de investigación de ADNa	Antes	<ul style="list-style-type: none"> - Investigar la normativa ética y legal competente - Recibir capacitación ética sobre los estudios de ADNa y sobre el acercamiento con las comunidades - Establecer una comunicación con el/los representante(s) para consultar, obtener el consentimiento e invitar a colaborar del proyecto. Establecer preguntas en conjunto - Considerar el tiempo mínimo que se destinará a las relaciones con los representantes y comunidades y a la comunicación y divulgación de los avances del proyecto. Establecer estos como objetivos propios del proyecto.
	Durante	<ul style="list-style-type: none"> - Trabajar en conjunto con arqueólogos y bioantropólogos del área de estudio - Trabajar con narrativas locales para incorporar diversas cosmovisiones que pudieran enriquecer el trabajo - Respetar el tiempo de las diferentes partes involucradas - Consultar sobre el uso de terminología que pudiera resultar ofensiva - Comunicar periódicamente los hallazgos de los resultados mediante charlas y/o talleres que involucre transferencia de conocimiento bidireccional - Establecer una comunicación periódica con los entes representantes - Involucrarse en otros aspectos como eventos culturales y de reivindicación de los pueblos Indígenas (si surgiese la invitación)
	Después	<ul style="list-style-type: none"> - Continuar con la divulgación de los resultados - Transferir el conocimiento a escuelas y la sociedad en general - Continuar con el protocolo de transferencia de los datos según lo acordado con la DAI - Generar reportes accesible para las comunidades donde se resuman los principales hallazgos del estudio, la metodología y el estado de los remanentes del trabajo de laboratorio (restos óseos, líquidos de extracción de ADN, etc) - Continuar con reuniones periódicas entre las diferentes partes implicadas para la interpretación y publicación de los resultados .

Por otro lado, es importante establecer estos acercamientos como objetivos específicos de los proyectos a desarrollarse y no como algo colateral, considerando el tiempo que se invertirá en las relaciones con las comunidades y entes respectivos, y en la formulación de talleres y charlas para la divulgación de los resultados. Es importante que estos acercamientos se hagan previamente a la formulación de tal proyecto, ya que la consulta y el consentimiento previo permitirá darle solidez y factibilidad antes de su inicio e incluso podría servir como sustento para el pedido de financiamiento que involucre aspectos sociales y no meramente metodológicos.

Durante el desarrollo del proyecto, es importante trabajar en conjunto con arqueólogos y bioantropólogos del área de estudio. Este trabajo junto con las narrativas y tradiciones locales contextualizan y dan sustento a la investigación y a los resultados que pudieran surgir de los datos de ADNa. Asimismo, la terminología comúnmente utilizada en las ciencias en general y las ciencias genómicas en particular, suele tener un

entendimiento pobre o incluso significados múltiples según la esfera social que la esté interpretando (Birney et al., 2021). A lo largo del desarrollo de la investigación, es importante discutir y consultar la terminología que pudiera resultar ofensiva. A modo de ejemplo, durante el desarrollo de este trabajo y en acuerdo con RRS, el término “colección” fue reemplazado por “repositorio” para referirnos a los restos de sus Ancestros resguardados temporalmente en el IDEAus-CONICET. Este término humaniza a los Ancestros y refleja su objetivo de una manera más precisa que el término “colección” el cual objetivita y da sentido de pertenencia.

A través del diálogo con la Dirección de Asuntos Indígenas y el acercamiento con miembros de diversas comunidades, nos dimos cuenta de que la palabra y oratoria reviste gran valor, algo que también se refleja en la oratoria de RRS desarrollada en un apartado anterior de este manuscrito. Mantener una comunicación periódica que no solo involucre los objetivos de la investigación permite generar vínculos y acercamientos reales. Asimismo, la presencia por invitación en actos culturales, que nos involucra en sus tradiciones y en preocupaciones que atañen a otras aristas de su vida como derechos básicos de salud, el derecho a la identidad y al reconocimiento, permite también establecer acercamientos genuinos. En este sentido, a partir del diálogo con miembros de las comunidades, observamos interés por incorporar el conocimiento sobre sus antepasados en etapas tempranas de escolaridad, incluidos los hallazgos genómicos que fueron presentados en charlas y talleres organizados por el IDEAus-CONICET y la Dirección de Asuntos Indígenas. Esto no es algo común en el sistema educativo de gran parte de Argentina donde aún hoy esta fuertemente presente la narrativa colonizadora. Es importante considerar este punto en países que han sufrido historias semejantes de colonialismo.

La responsabilidad y el compromiso asumido no termina con el proyecto. Es responsabilidad de los investigadores velar por los datos generados y sus posibles malos usos. Es por esto por lo que es importante no descuidar la trazabilidad de los datos, analizando si los investigadores solicitantes cumplieron o no con lo establecido en el protocolo de transferencia y si se utilizó terminología que pudiera resultar ofensiva en sus reportes o publicaciones. Siguiendo con la trazabilidad, es necesario generar reportes detallados donde se resuman los principales hallazgos del estudio, la metodología y el estado de los productos remanentes del trabajo de laboratorio (restos óseos, remanentes de extracción de ADN, etc). Es deseable que esto brinde mayor confianza a todas las

partes involucradas en el proyecto. Una vez concluido el proyecto, es importante continuar con la divulgación de los resultados tanto a la sociedad en general como al sector educativo y comunidades descendientes en particular, teniendo en cuenta la voluntad de estos últimos. Por consiguiente, las reuniones periódicas entre las diferentes partes implicadas en la interpretación y publicación de los resultados son sumamente necesarias para dar lugar a debates relacionados con la interpretación y publicación de los resultados. Esto también favorecerá al uso de terminología inclusiva y no objetivante en las publicaciones.

CONSIDERACIONES FINALES

La preocupación en torno a los aspectos éticos en el quehacer científico ha llevado a un incremento de los trabajos que buscan establecer lineamientos de buenas prácticas a fin de mitigar el potencial daño de los estudios científicos hacia otros actores sociales (Arbour & Cook, 2006; Claw et al., 2018; Hudson et al., 2020, 2020; K. S. Tsosie et al., 2020; Wagner et al., 2020; Yáñez et al., 2022). Indiscutiblemente, el campo del ADN_a abre la posibilidad de estudiar el pasado de forma directa con un alcance temporal sin precedente en otras disciplinas (Orlando et al., 2021; Schwartz-Marin, 2015). Sin embargo, es imprescindible una nueva forma de generar ciencia que contemple la pluralidad de voces y el respeto mutuo. Asimismo, solo a través de la multiplicidad de voces podremos evitar perpetuar la marginalización que las comunidades Indígenas han sufrido históricamente.

Como mencionan Wagner y sus colegas, “anticipar y abordar las implicaciones sociales del trabajo científico es una responsabilidad fundamental de todos los investigadores” (Wagner et al., 2020). En línea con este pensamiento y con la constante evolución de las expectativas éticas de la investigación, este artículo constituye el primer paso hacia una investigación más sólida y ética en arqueogenómica aplicada a un estudio de caso específico en Chubut, Patagonia Argentina. Somos conscientes de que queda mucho trabajo por hacer en cuanto a la implementación de pautas éticas y que generar una investigación basada en la participación activa de las comunidades involucradas llevará años de compromiso y gestión, como hemos podido ver a través de la historia de las relaciones expuestas en el artículo. Nuestro compromiso es evitar conflictos y

perjuicios y, en caso de que surjan, tratarlos de manera ética y respetuosa. Esperamos que este trabajo pueda servir de ejemplo acerca de cómo algunas de las pautas ampliamente discutidas en la literatura se pueden poner en práctica en comunidades con las que existe una larga historia de trabajo colaborativo y que pueda contribuir al marco ético emergente.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a los miembros de las comunidades Mapuche-Tehuelche por la invitación a actos culturales que nos acercaron y propiciaron el trabajo aquí realizado y a la Subsecretaría de Cultura de la Provincia del Chubut, en particular a la Prof. Evelyn Urrutia Diaz. Agradecemos también al Grupo de Arqueología y Bioantropología del instituto IDEAus-CONICET, en especial a Julieta Gómez Otero por sus útiles comentarios a una versión anterior de este trabajo y a Gabriela Millán por sus consejos. Agradecemos también el apoyo técnico de Viridiana Villa-Islas, Miriam Bravo-López, Alejandra Castillo Carbajal y Carina Uribe Díaz del LIIGH-UNAM y el apoyo informático de Luis Alberto Aguilar Bautista, Alejandro de León Cuevas, Carlos Sair Flores Bautista y Jair García Sotelo del LAVIS-UNAM. Agradecemos a los colegas Cristian Crespo, Leticia Cortéz, Rodrigo Nores, Verónica Seldes y Josefina Motti por brindarnos información sobre el estado actual legislativo y noticias de relaciones interinstitucionales utilizados para el desarrollo de la sección “Normativa legal y relación comunidades Indígenas-comunidad científica en Argentina: breve contexto.” Por último, agradecemos a Patricia Elisa Ruf por la revisión gramatical de la versión en español del artículo.

DECLARACIÓN DE INTERESES

Los autores declaran no tener conflictos de intereses.

DECLARACIÓN DE DISPONIBILIDAD DE DATOS

La puesta en común de datos no es aplicable a este artículo, ya que no se generaron ni analizaron conjuntos de datos durante el presente estudio.

MATERIAL SUPLEMENTARIO

Se proporciona una versión completa del manuscrito en español (lengua conocida por las comunidades Originarias de la región) y una lista de las restituciones llevadas a cabo en forma conjunta por el equipo de Arqueología y Bioantropología del IDEAus-CONICET y las comunidades Mapuche-Tehuelche.

LITERATURA CITADA

- Alpaslan-Roodenberg, S., Anthony, D., Babiker, H., Bánffy, E., Booth, T., Capone, P., ... Frachetti, M. (2021). Ethics of DNA research on human remains: Five globally applicable guidelines. *Nature*, *599*, 41–46. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04008-x>
- Arbour, L., & Cook, D. (2006). DNA on loan: Issues to consider when carrying out genetic research with aboriginal families and communities. *Public Health Genomics*, *9* (3), 153–160. <https://doi.org/10.1159/000092651>
- Argüelles, J. M., Fuentes, A., & Yáñez, B. (2022). Analyzing asymmetries and praxis in aDNA research: A bioanthropological critique. *American Anthropologist*, *124* (1), 130–140. <https://doi.org/10.1111/aman.13692>
- Ávila-Arcos, M. C., de la Fuente Castro, C., Nieves-Colón, M. A., & Raghavan, M. (2022). Recommendations for sustainable ancient DNA research in the Global South: Voices from a new generation of paleogenomicists. *Frontiers in Genetics*, *13* (880170), 1–8. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.880170>

- Bandieri, S. (2011). *Historia de la Patagonia* (2nd ed.). Buenos Aires, Argentina: Sudamericana.
- Bardill, J., Bader, A. C., Nanibaa'A, G., Bolnick, D. A., Raff, J. A., Walker, A., & Malhi, R. S. (2018). Advancing the ethics of paleogenomics. *Science*, *360* (6387), 384–385. <https://doi.org/10.1126/science.aaq1131>
- Birney, E., Inouye, M., Raff, J., Rutherford, A., & Scally, A. (2021). The language of race, ethnicity, and ancestry in human genetic research. *ArXiv Preprint ArXiv:2106.10041*. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2106.10041>
- Blanchard, J. W., Outram, S., Tallbull, G., & Royal, C. D. M. (2019). “We don’t need a swab in our mouth to prove who we are” Identity, resistance, and adaptation of genetic ancestry testing among Native American communities. *Current Anthropology*, *60* (5), 637–655. <https://doi.org/10.1086/705483>
- Buscaglia, S., Bianchi Vilelli, M., Starópoli, L. L., Bosoni, C., Carelli, S., & Alberti, J. (2012). Arqueología histórica en península Valdés. Primeros abordajes históricos y arqueológicos al fuerte San José (1779-1810). *Revista de Arqueología Histórica Argentina y Latinoamericana*, *6*, 11–43.
- Cardín, L. (2019). Relevamiento territorial de los Pueblos indígenas: Riesgos y desafíos. *Papeles de Trabajo*, *13*(23), 30-49. <http://hdl.handle.net/11336/119041>
- Claw, K. G., Lippert, D., Bardill, J., Cordova, A., Fox, K., Yracheta, J. M., ... TallBear, K. (2017). Chaco Canyon dig unearths ethical concerns. *Human biology*, *89*(3), 177-180. <https://doi.org/10.13110/humanbiology.89.3.01>
- Claw, K. G., Anderson, M. Z., Begay, R. L., Tsosie, K. S., Fox, K., & Nanibaa'A, G. (2018). A framework for enhancing ethical genomic research with Indigenous communities. *Nature Communications*, *9* (2957), 1–7. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-05188-3>

- Cooper, A., & Poinar, H. N. (2000). Ancient DNA: do it right or not at all. *Science*, 289 (5482), 1139. <https://doi.org/10.1126/science.289.5482.1139b>.
- Cortez, A. D., Bolnick, D. A., Nicholas, G., Bardill, J., & Colwell, C. (2021). An ethical crisis in ancient DNA research: Insights from the Chaco Canyon controversy as a case study. *Journal of Social Archaeology*, 21 (2), 157–178. <https://doi.org/10.1177/1469605321991600>
- Cosmai, N. P., Folguera, G., & Outomuro, D. (2013). Restitución, repatriación y normativa ética y legal en el manejo de restos humanos aborígenes en Argentina. *Acta Bioethica*, 19 (1), 19–27. <https://doi.org/10.4067/S1726-569X2013000100003>
- Dahinten, S. L., Gómez Otero, J., Suby, J. A., Coronato, F., & Vullo, C. (2020). Interdisciplinary identification of the skeletal remains of Catherine Roberts-Davies, The first Welsh settler death in Patagonia, Argentina in 1865. *International Journal of Osteoarchaeology*, 30 (2), 236–244. <https://doi.org/10.1002/oa.2851>
- di Fabio Rocca, F., Russo, M. G., Arencibia, V., & Seldes, V. (2021). Ancient DNA studies: Use of ethnonyms and collaborative research in South America. *Journal of Anthropological Archaeology*, 61, 101265. <https://doi.org/10.1016/j.jaa.2020.101265>
- Endere, M. L. (2005). Talking about others: Archaeologists, indigenous peoples and heritage in Argentina. *Public Archaeology*, 4 (2–3), 155–162. <https://doi.org/10.1179/pua.2005.4.2-3.155>
- Endere, M. L. (2020a). Latin America: Indigenous Peoples' Rights. In C. Smith (Ed.), *Encyclopedia of Global Archaeology* (2nd ed., Vol. 1, pp. 1–20). Switzerland:

- Springer, Cham. Retrieved from https://doi.org/10.1007/978-3-319-51726-1_1843-2
- Endere, M. L. (2020b). Restitution policies in Argentina: The role of the state, Indigenous peoples, museums, and researchers. En *The Routledge Companion to Indigenous Repatriation* (1.^a ed., Vol. 1, pp. 188-207). London: Routledge. Recuperado de <https://doi.org/10.4324/9780203730966>
- Endere, M. L., Mariano, M., Conforti, M. E., & Mariano, C. (2014). La protección legal del patrimonio en las provincias de Buenos Aires, La Pampa y Río Negro: Viejos problemas y nuevas perspectivas. *Intersecciones en antropología*, 16(1), 207-219.
- Fleskes, R. E., Bader, A. C., Tsosie, K. S., Wagner, J. K., Claw, K. G., & Garrison, N. (2022). Ethical Guidance in Human Paleogenomics: New and Ongoing Perspectives. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 23 (15), 15.1-15.26. <https://doi.org/10.1146/annurev-genom-120621-090239>
- Fox, K., & Hawks, J. (2019). Use ancient remains more wisely. *Nature*, 572, 581–583. <https://doi.org/10.1038/d41586-019-02516-5>
- García Laborde, P., Conforti, M. E., & Guichón, R. A. (2018). La dimensión social de la bioarqueología. Propuesta de trabajo para una investigación que incluye restos óseos humanos en Argentina. *Revista del Museo de Antropología*, 11(1), 127-140.
- Garrison, N., Hudson, M., Ballantyne, L. L., Garba, I., Martinez, A., Taulii, M., ... Rainie, S. C. (2019). Genomic research through an indigenous lens: Understanding the expectations. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 20, 495–517. <https://doi.org/10.1146/annurev-genom-083118-015434>
- Guichón, R. A., García Laborde, P., Motti, J., Martucci, M., Casali, R., Huilinao, F., ... Guevara, A. (2015). Experiencias de trabajo conjunto entre investigadores y pueblos originarios: El caso de Patagonia Austral. *Revista argentina de*

<https://doi.org/10.17139/raab.2015.0017.02.05>

- Gómez Otero, J. (2012). La importancia de rescatar los enterratorios humanos en riesgo: Experiencias en el nordeste de la provincia de Chubut. *Cazadores-Recolectores Del Cono Sur. Revista de Arqueología*, 5 (1), 15–34.
- Gómez Otero, J., Belardi, J. B., Tykot, R., & Grammer, S. (2000). Dieta y poblaciones humanas en la costa norte del Chubut (Patagonia Argentina). In *Desde el País de los Gigantes. Perspectivas arqueológicas en Patagonia* (1st ed., Vol. 4, pp. 109–122). Santa Cruz, Argentina: Universidad Nacional de la Patagonia Austral, Río Gallegos Argentina. Retrieved from <http://luna.cas.usf.edu/~rtykot/PR18%20%20Jornadas%20Patagonia%202000.pdf>
- Gómez Otero, J., & Dahinten, S. L. (1998). Costumbres funerarias y esqueletos humanos: Variabilidad y poblamiento en la costa nordeste de la provincia del Chubut (Patagonia Argentina). *Relaciones de La Sociedad Argentina de Antropología*, 22 (23), 101–124. <https://doi.org/handle/10915/25564>
- Gómez Otero, J., & Novellino, P. (2011). Diet, nutritional status and oral health in hunter-gatherers from the central-northern coast of Patagonia and the Chubut river lower valley, Argentina. *International Journal of Osteoarchaeology*, 21 (6), 643–659. <https://doi.org/10.1002/oa.1171>
- Haelewaters, D., Hofmann, T. A., & Romero-Olivares, A. L. (2021). Ten simple rules for Global North researchers to stop perpetuating helicopter research in the Global South. *Plos Computational Biology*, 17 (8), e1009277. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009277>
- Harry, D. (2009). Indigenous peoples and gene disputes. *Chicago-Kent Law Review*, 84 (1), 147–189.

- Harry, D., & Dukepoo, F. C. (1998). Indians, genes and genetics: What Indians should know about the new biotechnology. *Indigenous Peoples Coalition Against Biopiracy, 1* (1), 1–12.
- Harry, D., Howard, S., & Shelton, B. L. (2000). *Indigenous Peoples, genes and genetics. What Indigenous People should know about biocolonialism. A primer and resource guide* (1st ed., Vol. 1). Wadsworth, Nevada, U.S.A: Indigenous Peoples Council on Biocolonialism. Retrieved from <https://epub.sub.uni-hamburg.de/epub/volltexte/2010/4688/pdf/ipgg.pdf>
- Harry, D., & Kaneche, L. M. (2006). Asserting tribal sovereignty over cultural property: Moving towards protection of genetic material and indigenous knowledge. *Seattle J. Soc. Just.*, 5 (27), 27–52.
- Heidt, A. (2022). Ancient DNA boom underlines a need for ethical frameworks. *The Scientist, January 27*. Retrieved from <https://www.the-scientist.com/news-opinion/ancient-dna-boom-underlines-a-need-for-ethical-frameworks-69645>
- Hublin, J. J., Pääbo, S., Derevianko, A. P., Doronichev, V. B., Golovanova, Friess, M., ... Kullmer, O. (2008). Suggested guidelines for invasive sampling of hominid remains. *Journal of Human Evolution*, 55 (1), 756–757. <https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2008.04.010>
- Hudson, M. (2009). Changing genes: Science and being Maori. *Ngā Pae o Te Māramatanga*, 2, 62–64.
- Hudson, M., Nanibaa’A, G., Sterling, R., Caron, N. R., Fox, K., Yracheta, J., ... Brown, A. (2020). Rights, interests and expectations: Indigenous perspectives on unrestricted access to genomic data. *Nature Reviews Genetics*, 21 (6), 377–384. <https://doi.org/10.1038/s41576-020-0228-x>

- Kaestle, F. A., & Horsburgh, K. A. (2002). Ancient DNA in anthropology: Methods, applications, and ethics. *Yearbook of Physical Anthropology*, 45 (1), 92–130.
<https://doi.org/10.1002/ajpa.10179>
- Kent, M. (2013). The importance of being Uros: Indigenous identity politics in the genomic age. *Social Studies of Science*, 43 (4), 534–556.
<https://doi.org/10.1177/0306312712468520>
- McInnes, R. R. (2011). 2010 Presidential Address. Culture: the silent language geneticists must learn—genetic research with indigenous populations. *American Journal of Human Genetics*, 88 (3), 254–261.
<https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2011.02.014>
- Millán, A. G., & Dahinten, S. L. (2019). La Colección Bioantropológica del norte de Chubut (Secretaría de Cultura de Chubut/IDEAUS-CONICET): Integración, conservación e investigación. In J. Gómez Otero, A. Svodoba, & A. Banegas (Eds.), *Arqueología de la Patagonia: El pasado en las arenas* (1st ed., pp. 205–213). Puerto Madryn, Argentina: Instituto de Diversidad y Evolución Austral CONICET-IDEAus.
- Millán, A. G., Gómez Otero, J., & Dahinten, S. L. (2013). Tendencia secular de la estatura en poblaciones humanas del Valle inferior del Río Chubut y de la Costa centro-septentrional (Patagonia Argentina) durante el Holoceno Tardío. *Relaciones de La Sociedad Argentina de Antropología*, 38 (2), 421–440.
- Millán, A. G., Mohamed, N., & Dahinten, S. L. (2019). Recuperación, curación y estudios bioantropológicos de la Colección Frengüelli-Brunet. *Revista Del Museo de Antropología*, 12 (3), 73–80.
<https://doi.org/10.31048/1852.4826.v12.n3.24502>

- Millán, A. G., Tamburrini, C., Parolin, M. L., Dahinten, S. L., Gómez Otero, J., & Suby, J. A. (2021). Estimación sexual en restos óseos de cazadores-recolectores de Patagonia Central Argentina: Contrastación de métodos morfométricos con análisis paleogenéticos. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 23 (2), 1–19. <https://doi.org/10.24215/18536387e037>
- Motti, J. M., Winingear, S., Valenzuela, L. O., Nieves-Colón, M. A., Harkins, K. M., García Laborde, P., ... 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>
- Nahuelquir, S., Huilinao, C., Huilinao, F., Guichón, R. A., Caracoche, M. S., & García Laborde, P. (2015). Trabajamos juntos. Antes y después de la ordenanza municipal de Puerto Santa Cruz 169/9. En M. Fabra, M. Montenegro, & M. E. Zabala (Eds.), *La arqueología pública en Argentina: Historias tendencias y desafíos en la construcción de un campo disciplinar* (Vol. 27, pp. 77-92). San Salvador de Jujuy, Argentina: Editorial de la Universidad Nacional de Jujuy (EDIUNJU). Recuperado de <https://ffyh.aulavirtual.unc.edu.ar/login/index.php>
- Orlando, L., Allaby, R., Skoglund, P., Der Sarkissian, C., Stockhammer, P. W., Ávila-Arcos, M. C., ... Stone, A. C. (2021). Ancient DNA analysis. *Nature Reviews Methods Primers*, 1 (14), 1–26. <https://doi.org/10.1038/s43586-020-00011-0>
- O'Rourke, D. H., Hayes, G., & Carlyle, S. W. (2005). The consent process and aDNA research: Contrasting approaches. In T. R. Turner (Ed.), *Biological anthropology and ethics: From repatriation to genetic identity* (1st ed., Vol. 1, pp. 231–240). U.S.A: State University of New York Press.

- Parolin, M. L., Bravo-López, M. J., Guzmán-Solís, A., Tamburrini, C., Villa-Islas, V., Fregel-Lorenzo, R. I., ... Ávila-Arcos, M. C. (2019). Primeros avances paleogenómicos para la identificación de patógenos antiguos en Patagonia Argentina (6000-300 años AP). *Libro de Resúmenes de Las Decimocuartas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica, 1*, 96–96. San Salvador de Jujuy, Argentina: Asociación de Antropología Biológica Argentina.
- Parolin, M. L., Fregel-Lorenzo, R. I., Bravi, C. M., Mendez, F. L., Dahinten, S. L., Gómez-Otero, J., ... Bustamante, C. (2017). Ancient mitogenomes of Argentine Patagonia (6070-310 YBP) reveal the early contribution of lineages not previously found in South America. *PeerJ PrePrints*. <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.3098v1>
- Parolin, M. L., Galimany, J., Gómez Otero, J., Dahinten, S. L., Millán, G., & Moraga, M. (2019). First mitochondrial DNA complete control region sequences in Late Holocene human samples from the north-central coast of Patagonia, Argentina. In J. Gómez Otero, A. Svoboda, & A. Banegas (Eds.), *Arqueología de la Patagonia: El pasado en las arenas* (Vol. 1, pp. 469–480). Buenos Aires, Argentina: Instituto de Diversidad y Evolución Austral CONICET-IDEAus.
- Rodríguez, A. L., Depino, E., & Canet, V. (2015). *Argentina indígena. Participación y diversidad, construyendo igualdad: Compilación legislativa* (1st ed., Vol. 1; S. Demicheli Calcagno, Ed.). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina: Dirección Nacional de Atención a Grupos en Situación de Vulnerabilidad, Secretaría de Derechos Humanos del Ministerio de Justicia y Derechos Humanos de la Nación. Retrieved from http://www.jus.gob.ar/media/2957543/argentina_indigena_web.pdf

- Scheinsohn, V. G., Dahinten, S. L., Gómez Otero, J., Rizzo, F., Leonardt, S., Tchilinguirian, P., ... Carpio González, M. (2017). La antigüedad de la ocupación humana en el centro-oeste del Chubut: Nuevos datos del valle del Genoa. *Arqueología*, 23 (1), 109–124. <https://doi.org/10.34096/arqueologia.t23.n1.366>
- Schwartz-Marin, E. (2015). Genetics and Tradition: Competing Sources of Knowledge of Human History? *ELS. John Wiley & Sons, Ltd: Chichester*, 1–9. <https://doi.org/10.1002/9780470015902.a0020657.pub2>
- Sealy, J. (2003). Managing collections of human remains in South African museums and universities: Ethical policy-making and scientific value: reviews of current issues and research findings: human origins research in South Africa. *South African Journal of Science*, 99 (5), 238–239.
- Somel, M., Altınışık, N. E., Özer, F., & Ávila-Arcos, M. del C. (2021). Collaborate equitably in ancient DNA research and beyond. *Nature*, 600 (7887), 37–37. <https://doi.org/10.1038/d41586-021-03541-z>
- Suby, J. A., Millán, G. A., Gómez Otero, J., & Dahinten, S. L. (2017). Suprascapular ligament ossification and nerve entrapment in a modern skeleton from the central coast of Patagonia, Southern South America. *European Journal of Anatomy*, 21 (1), 65–70. <https://doi.org/eja.160213js>
- TallBear, K. (2013). Genomic articulations of indigeneity. *Social Studies of Science*, 43 (4), 509–533. <https://doi.org/10.1177/0306312713483893>
- Tamburrini, C., Ávila-Arcos, M. C., Fregel-Lorenzo, R. I., Villa-Islas, V., Bravo-López, M. J., Dahinten, S. L., ... Parolin, M. L. (2019). Genómica y ADN antiguo: En busca de los orígenes de los cazadores-recolectores de la costa central de Patagonia Argentina (6070-310 años AP). *Libro de Resúmenes de Las Decimocuartas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica*, 1, 99–99. San

- Salvador de Jujuy, Argentina: Asociación de Antropología Biológica Argentina.
Retrieved from <https://asociacionantropologiabiologicaargentina.org.ar/wp-content/uploads/sites/9/2019/10/Libro-de-resúmenes-2019.pdf>
- Tsosie, K. S., Bader, A., Fox, K., Bolnick, D. A., Garrison, N. A., & Smith, R. (2021). Ancient-DNA researchers write their own rules. *Nature*, *600* (7887), 37–37. <https://doi.org/10.1038/d41586-021-03542-y>
- Tsosie, K. S., Begay, R., Fox, K., & Garrison, N. (2020). Generations of genomes: Advances in paleogenomics technology and engagement for Indigenous people of the Americas. *Current Opinion in Genetics & Development*, *62*, 91–96. <https://doi.org/10.1016/j.gde.2020.06.010>
- Tsosie, R. (2007). Cultural challenges to biotechnology: Native American genetic resources and the concept of cultural harm. *Journal of Law, Medicine & Ethics*, *35* (3), 396–411. <https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2007.00163.x>
- Wagner, J. K., Colwell, C., Claw, K. G., Stone, A. C., Bolnick, D. A., Hawks, J., ... Nanibaa’A, G. (2020). Fostering responsible research on ancient DNA. *The American Journal of Human Genetics*, *107* (2), 183–195. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2020.06.017>
- Wiwchar, D. (2004). Nuu-chah-nulth blood returns to west coast. *Ha-Shilth-Sa Newsletter*, *31* (25), 1–4.
- Wolinsky, H. (2019). Ancient DNA and contemporary politics: The analysis of ancient DNA challenges long-held beliefs about identity and history with potential for political abuse. *EMBO Reports*, *20* (12), 1–6. <https://doi.org/10.15252/embr.201949507>
- Yáñez, B., Fuentes, A., Silva, C. P., Figueiro, G., Menéndez, L. P., García-Deister, V., ... Argüelles, J. M. (2022). Pace and space in the practice of aDNA research:

Concerns from the periphery. *American Journal of Biological Anthropology*,
180(3), 417-422. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24683>

Apéndice B: Comunicación del taller: ciencias genómicas y saberes de los pueblos originarios. Provincia del Chubut, Argentina

Resumen: Trabajo publicado en la Revista del Museo de Antropología. Se presenta el artículo completo y su material suplementario.



Antropología Biológica

Comunicación del taller: ciencias genómicas y saberes de los pueblos originarios (Provincia del Chubut, Argentina)

Workshop communication: genomic sciences and Original people's knowledge (Chubut Province, Argentina)

Camila Tamburrini¹, Rubén Ricardo Romero Saihueque²,
Silvia Lucrecia Dahinten¹ y María Laura Parolin¹

¹Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus CCT CONICET-CENPAT), Puerto Madryn, Chubut, U9120, Argentina. E-mail: ctamburrini@cenpat-conicet.gob.ar; silvia.dahinten@gmail.com; parolin@cenpat-conicet.gob.ar

²Dirección de Asuntos Indígenas. Subsecretaría de Derechos Humanos. Ministerio de Gobierno y Justicia del Chubut, Rawson, Chubut, U9130, Argentina. E-mail: romerosaihueque@yahoo.com.ar

Resumen

El 2 de julio de 2022 se realizó en Trelew, Chubut, Argentina, el primer encuentro de intercambio entre ciencias genómicas y conocimiento indígena. Este evento se llevó a cabo en el marco de un convenio entre el IDEAus-CONICET y la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia, con el objetivo de establecer una ciencia genética que se alíe con los estándares éticos del quehacer científico asociado a las comunidades indígenas ancestrales y sus descendientes. El taller incluyó presentaciones y mesas de discusión sobre estudios genéticos en poblaciones cosmopolitas y ancestrales a partir del estudio de restos arqueológicos resguardados en el Repositorio Bioantropológico en IDEAus-CONICET. Se realizó una encuesta anónima para conocer la percepción de los participantes sobre las ciencias genéticas, los términos con los cuales se autorreconocen y las formas y periodicidad de difusión de los avances científicos, entre otros puntos indagados. El análisis de este primer taller evidenció, que existen fallas en la comunicación científica y que la participación de las comunidades en estos encuentros está estrechamente vinculado con la lucha de reivindicación y reconocimiento de estas comunidades originarias. Los asistentes subrayaron la importancia de difundir esta información en el ámbito educativo desde una perspectiva descolonizada.

Palabras clave: Patagonia central; Estudios genómicos; Transferencia a la comunidad; Pueblo Mapuche-Tehuelche.

Abstract

On July 2, 2022, the first exchange meeting between genomic sciences and indigenous knowledge was held in Trelew, Chubut, Argentina. This event was carried out within the framework of an agreement between IDEAus-CONICET and the Directorate of Indigenous Affairs of the province that seeks to establish a genetic science that is aligned with the ethical standards of scientific work in relation to ancestral Indigenous communities and their descendants. The workshop included presentations and round table discussions on genetic studies in cosmopolitan and ancestral populations based on the study of archaeological remains stored in the Bioanthropological Repository at IDEAus-CONICET. An anonymous survey was carried out to know the participants' perception of genetic sciences, the terms with which they recognize themselves and the forms and frequency of dissemination of scientific advances, among other points investigated. The analysis of this first workshop showed, amongst other findings, that there are failures in scientific communication and that the interest of the Indigenous communities in these meetings is closely linked to the struggle for the vindication and recognition of these communities. The importance of disseminating this information in the educational sphere from a decolonized perspective was highlighted.

Keywords: Central Patagonia; Genomic studies; Community engagement; Mapuche-Tehuelche people.

Introducción

Durante la última década, los avances metodológicos y el incremento en la capacidad analítica de los métodos bioinformáticos han impulsado un aumento de los estudios

de ADN (Orlando et al., 2021). De particular relevancia ha sido el progreso en la recuperación y autenticidad de ADN antiguo (ADNa), campo cuyo principal referente, Svante Pääbo, ha sido merecedor del reciente premio Nobel de Medicina (2022). Estos avances han llevado

Recibido 16-02-2023. Recibido con correcciones 29-07-2023. Aceptado 30-07-2023

Revista del Museo de Antropología 16 (3): 79-92 /2023 / ISSN 1852-060X (impreso) / ISSN 1852-4826 (electrónico)
<http://revistas.unc.edu.ar/index.php/antropologia/index>

IDACOR-CONICET / Facultad de Filosofía y Humanidades – Universidad Nacional de Córdoba - Argentina

a un importante crecimiento de publicaciones que analizan genómicamente poblaciones ancestrales¹ de comunidades indígenas contemporáneas (Di Fabio Rocca et al., 2021; Tsosie et al., 2020; Wagner et al., 2020). Estas publicaciones no han pasado inadvertidas para muchos de los actores sociales involucrados directa o indirectamente con los estudios, como las comunidades descendientes y los investigadores comprometidos con los derechos de los pueblos indígenas de diferentes partes del mundo (Fleskes et al., 2022). Existen múltiples ejemplos, ya mencionados en la literatura de referencia (Cosmai et al., 2013; Tsosie, 2007), a los cuales podemos agregar, en el 2010, el pedido de las comunidades Mapuche-Tehuelche de la Provincia del Chubut, de que cese la actividad arqueológica de los científicos (Gómez Otero, 2012). Estos casos, han dejado en evidencia que los estudios de individuos ancestrales, también afectan a las comunidades contemporáneas que se hallan cultural y espiritualmente asociadas con dichos ancestros. Esto ha puesto sobre la mesa de debate la necesidad de generar nuevos marcos que regulen estas investigaciones ya que los estudios de ADN no están sujetos a las mismas regulaciones bioéticas y legales que aquellos que contemplan individuos vivos, quienes gozan de la capacidad de otorgar su consentimiento (Fleskes et al., 2022).

En el marco de las constantes preocupaciones del quehacer científico vinculado a las comunidades indígenas de todo el mundo, muchos críticos han alzado su voz en relación a las implicancias éticas de los estudios en general y de los estudios genéticos en particular. Estos debates ético-sociales se han visto acrecentados en los últimos años, hecho que se refleja en el cuerpo de bibliografía emergente que busca establecer guías y recomendaciones éticas para llevar a cabo investigaciones que involucren individuos ancestrales de poblaciones indígenas contemporáneas (Bardill et al., 2018; Claw et al., 2018; Cortez et al., 2021; Fleskes et al., 2022; Fox & Hawks, 2019; Tsosie et al., 2020; Tsosie, 2007; Wagner et al., 2020; Wolinsky, 2019).

En líneas generales, estas guías han establecido principios y recomendaciones que van desde aspectos más metodológicos de la disciplina como la toma de muestras consciente y respetuosa del patrimonio arqueológico, hasta principios que buscan establecer una ciencia basada en la activa participación de las comunidades descendientes en los proyectos de investigación. Asimismo, ha sido señalada la incapacidad de muchos investigadores para reconocer, comunicar y comprender las diferencias culturales de otros actores sociales, lo que ha llevado a estas guías a enunciar la necesidad de escuchar y aprender de las comunidades sobre sus perspectivas culturales y cosmovisión, algo que ha sido mencionado en las guías como “desarrollar

¹ Tomamos de Fleskes et al. (2022) la definición de Ancestros o ancestrales para hacer mención de forma respetuosa a las poblaciones antiguas cuyos restos arqueológicos son muestreados con fines paleogenómicos.

competencia cultural” (Claw et al., 2018).

Estas guías y recomendaciones éticas fueron formuladas desde diferentes enfoques y con intereses específicos, algunas de las cuales han sido incluso criticadas (Somel et al., 2021; Tsosie et al., 2021). Cabe destacar que, la mayoría de estas recomendaciones han sido establecidas por investigadores del Norte Global o como menciona Yáñez et al. (2022) del “centro del poder,” algo que también ha sido señalado en la literatura reciente, reflejando la necesidad de establecer una ciencia más equitativa y descolonizada entre investigadores del Norte y del Sur Global (Argüelles et al., 2022; Ávila-Arcos et al., 2022; Yáñez et al., 2022).

Como ha sido señalado por algunos investigadores, es claro que ninguna guía ética puede abarcar todo el espectro de necesidades y complejidades cambiantes de los diversos actores sociales involucrados (Fleskes et al., 2022; Wagner et al., 2020). Mientras que, a nivel nacional, por ejemplo, algunos acercamientos han resultado en relaciones fructíferas entre comunidades indígenas y comunidad científica (García et al., 2018; Guichón et al., 2015; Nahuelquir et al., 2015), otras han devenido en la interpelación de comunidades originarias con cuestionamientos y demandas públicas como el reciente caso de la comunidad *warpe* de la provincia de San Juan² y en la imposibilidad de exportar material arqueológico a Alemania para estudios genómicos,³ demostrando, no solo que las relaciones sociales son heterogéneas y dinámicas sino que el acceso a las muestras y los permisos no son suficientes para establecer una ciencia que contemple la totalidad de las voluntades de las partes involucradas.

Sin embargo, y a pesar de esta heterogeneidad, las bases fundamentales para llevar a cabo una investigación más respetuosa y participativa están bien fundadas e involucran: 1) el entendimiento de la normativa ética y legal local competente; 2) el conocimiento de la estructura organizativa de las comunidades originarias involucradas y su contexto histórico; 3) la consulta y obtención de permisos por parte de los investigadores a los organismos regulatorios del patrimonio arqueológico y a las comunidades culturalmente asociadas con los individuos bajo estudio y 4) la diseminación de forma clara y accesible de los resultados obtenidos a las comunidades descendientes, entre otros aspectos. Para un resumen de las guías éticas publicadas hasta fines del año 2022 ver Fleskes et al. (2022).

En el marco de un trabajo en proceso de publicación (Tamburrini et al., 2023) junto al Director de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut (co-autor RRS), se desarrollaron exhaustivamente los tres primeros puntos mencionados. A fin de abordar la cuarta de

² http://www.unsj.edu.ar/home/noticias_detalle/5960/2

³ <https://tinyurl.com/35uu7kw7>

las recomendaciones, en conjunto con la Dirección de Asuntos Indígenas del Chubut, se decidió implementar un taller de comunicación y discusión de la ancestría indígena en la Patagonia desde el ADN, inicialmente propuesto con una periodicidad anual. El presente trabajo tiene como objetivo compartir las experiencias del primer taller organizado por investigadoras del Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET), la Dirección de asuntos Indígenas y la Subsecretaría de Derechos Humanos de la provincia del Chubut. Para ello, se contextualizará brevemente la historia y el estado de las comunidades Mapuche-Tehuelche del Chubut, y las relaciones establecidas entre estas y científicos del IDEAus-CONICET.

Breve contexto histórico de las poblaciones originarias de la Patagonia

Las poblaciones indígenas de la Argentina fueron históricamente negadas en su existencia y, por lo tanto, sus identidades culturales fueron reducidas e invisibilizadas. En gran parte de la Patagonia, este proceso de exclusión y marginalización social tiene sus inicios en las campañas militares del siglo XIX, mediante las cuales se buscaba anexar la región a la República. Esto tuvo como consecuencia el genocidio de las poblaciones originarias (Bandieri, 2011). Este hecho, sumado a la idea de nación blanca de ascendencia europea fomentada e instaurada por las políticas de Estado, contribuyeron a invisibilizar a los pueblos originarios. Sin embargo, en las últimas décadas se ha ido revalorizando el carácter pluricultural y las cosmovisiones alternativas en toda América Latina, de la mano de la reivindicación de los pueblos indígenas (Endere, 2020a). En este sentido, en Argentina, se han implementado instrumentos jurídicos que garantizan el reconocimiento histórico y la participación de las comunidades en los procesos de toma de decisiones sobre temas que les afectan directa o indirectamente. Para más información sobre los instrumentos legales y la historia Indígena en Argentina ver trabajos publicados (Endere, 2020a, 2020b), y compilaciones legislativas nacionales (Rodríguez et al., 2015). Sin embargo, como se reflejará a lo largo de este artículo, a pesar de los avances en materia legislativa, aún el sentimiento de discriminación y marginación de parte de de las comunidades originarias es evidente.

El caso de la provincia del Chubut

Actualmente, Chubut es la cuarta provincia argentina con el mayor número de comunidades indígenas inscriptas a través del Registro Nacional de Comunidades indígenas (Re.Na.Ci). Dichas comunidades se encuentran registradas como pertenecientes a los pueblos Mapuche, Tehuelche y Mapuche-Tehuelche. La representación legal de estas comunidades se nuclea bajo la Dirección de Asuntos Indígenas. Creada en 2008, entre otras obligaciones, esta Dirección tiene la función de “[p]restar asistencia científica, técnica, jurídica, administrativa y económica a las comunidades indígenas por cuenta propia o en

coordinación con otras instituciones [...]” (Decreto N° 1276),⁴ estableciendo así un puente de comunicación entre las comunidades originarias de la provincia e instituciones estatales, entre ellas, las instituciones científicas.

Desde 1990 arqueólogos y arqueólogas del actual IDEAus-CONICET realizan rescates arqueológicos con el fin de estudiar las poblaciones ancestrales de la provincia y de preservar los restos arqueológicos de vandalismos y deterioro por acción tanto antrópica como natural (Gómez Otero, 2012). Tal como expone Julieta Gómez Otero, la principal arqueóloga involucrada en estos rescates,⁵ en los inicios de su trabajo, los científicos se regían solamente por el marco normativo de la Ley 3559, el cual no establecía la necesidad ni la obligatoriedad de consultar a las comunidades originarias sobre sus Ancestros. Estas formas de trabajo científico, tendientes a replicar prácticas colonizadoras, tuvieron como consecuencia la interpelación de las comunidades originarias de la provincia y el cese a partir del año 2010 de la actividad llevada a cabo por el equipo del IDEAus-CONICET. Como resultado, y gracias a estas demandas, los investigadores se conformaron bajo una nueva forma de trabajo que incorporó el respeto por la ancestralidad y la pluralidad de voces en el quehacer científico. Estas relaciones devinieron no solo en las primeras restituciones de los restos arqueológicos de los Ancestros a pedido de las comunidades, sino también en una ley pionera a nivel nacional que protocoliza el tratamiento de dichos restos y otorga un rol fundamental a las comunidades originarias en la toma de decisiones respecto del hallazgo de sus Ancestros (Ley provincial V número 160). Esta ley si bien fue sancionada en 2018, representa una forma de trabajo implementada desde años anteriores por los investigadores y los miembros de comunidades originarias de la provincia, sumándose a la normativa provincial y nacional. Este devenir de las relaciones entre científicos y comunidades permitió retomar los estudios llevados a cabo por las y los investigadores del IDEAus-CONICET.

En este marco normativo e historial de relaciones, se insertan los estudios de ADN en desarrollo, con el objetivo de complementar la información arqueológica e indagar sobre la diversidad genética de las poblaciones Ancestrales que habitaron la actual provincia del Chubut durante el Holoceno. Asimismo, y con el objetivo de no perpetuar prácticas científicas colonizadoras, buscamos abordar los aspectos ético-sociales de la disciplina genómica en particular e implementar las recomendaciones de la literatura especializada. Esta comunicación es un primer acercamiento que servirá para abordar la difusión efectiva y respetuosa con las comunidades originarias culturalmente asociadas a las poblaciones ancestrales de la provincia del Chubut.

⁴ <https://boletin.chubut.gov.ar/archivos/boletines/Febrero%2027,%202020.pdf>

⁵ <https://www.youtube.com/watch?v=PyEw6H8CGbc>

Desarrollo del primer taller

Motivación y objetivo de la propuesta del taller

La comunicación en forma clara y accesible de los resultados ha sido ampliamente sugerida entre las pautas éticas que deben regir una investigación genética que involucra el estudio de restos arqueológicos de individuos ancestrales (Claw et al., 2018; Wagner et al., 2020). A través del diálogo con la Dirección de Asuntos Indígenas y, posteriormente por acercamiento con miembros de comunidades originarias de la provincia, se advirtió que, a pesar de haber realizado difusiones en medios radiales y diarios locales de los resultados de estudios antropogenéticos realizados por nuestro equipo de trabajo en poblaciones cosmopolitas de la Patagonia, esta difusión resultó insuficiente e ineficiente para informar a las comunidades originarias de la región a pesar de resaltarse en estos estudios la predominancia del componente materno originario.

Bajo este panorama y como parte de la iniciativa que busca establecer mejores prácticas en el campo del ADN, en conjunto con la Dirección de Asuntos Indígenas y Subsecretaría de derechos Humanos, se diagramaron talleres anuales con el objetivo de divulgar los resultados obtenidos de los estudios de ADN iniciados en 2018, aprovechando el espacio para dar a conocer, también, los estudios llevados a cabo en poblaciones contemporáneas cosmopolitas. A través de estos encuentros, se pretende, además, habilitar un espacio para compartir e intercambiar saberes, pareceres, experiencias e inquietudes relacionadas con las investigaciones genéticas⁶ en curso, dando prioridad a los miembros de las comunidades originarias dado que son los principales actores involucrados en los estudios genéticos de sus Ancestros. Esto permitirá comenzar a establecer una ciencia genética basada en una aproximación que contemple las opiniones y los posibles impactos de la investigación en las comunidades culturalmente asociados con los restos arqueológicos bajo estudio; implicancias que han sido ya abordadas en Tamburrini et al. (2023).

Lugar y participación

El primer encuentro se desarrolló el 2 de julio del 2022 en el Centro Cultural por la Memoria de la ciudad de Trelew (Chubut, Argentina). Tanto el lugar como la fecha fueron propuestas por el Director de Asuntos Indígenas considerando: a) que el lugar fuera un espacio neutro para lograr la comodidad de los asistentes, b) que la fecha propuesta resultara apropiada para poder contar con el mayor número de miembros de comunidades originarias dado que muchas se localizan en zonas alejadas del lugar del encuentro y c) que la fecha coincidiera, oportunamente, con la ratificación de la Argentina

⁶ Es importante aclarar que, en el marco del presente trabajo por "estudios genéticos" se entiende al análisis de linajes uniparentales (tema desarrollado durante el taller) y no a otras temáticas de la disciplina.

en el año 2000 del Convenio 169 de la OIT sobre los pueblos indígenas y tribales, festejado cada 3 de julio. La difusión de la actividad se realizó a modo de charla informativa brindada el día 22 de abril de forma virtual y por divulgación, mediante gacetilla y redes sociales a la comunidad chubutense en general una semana antes del día del evento. Asimismo, la Dirección de Asuntos Indígenas se encargó de hacer llegar la información del taller a las comunidades originarias para garantizar su participación. Se solicitó al público interesado realizar una preinscripción online para contar con información *a priori* de la cantidad de participantes.

El encuentro fue de modalidad híbrida (tanto virtual como presencial) y asistieron aproximadamente unos 36 participantes (20 de forma presencial y 16 de forma virtual), si bien la pre-inscripción había sido completada por 65 interesados (18 presenciales y 48 virtuales). Se observó que la participación en forma presencial superó a la pre-inscripta bajo la misma modalidad, mientras que en el formato virtual se revirtió la situación, hubo más pre-inscriptos que participantes efectivos.

Asistieron al evento miembros de las comunidades originarias Mapuche Huanguelén Puelo de la localidad de Lago Puelo, Mapuche Tehuelche Cerro Centinela de la comuna homónima Cerro Centinela, Mapuche Tehuelche Urbana-Nahuelpan de Trelew, las comunidades Mapuche Tehuelche Ruka Peñi y Az Wen Kurruf ambas de Dolavon, Mapuche Tehuelche Ceferino Namuncura – Valentín Saihueque de Gaiman, un miembro de la comunidad descendiente Purepecha Michoacán de México, la comunidad Mapuche Mariano Epulef de Cipolletti y la comunidad Ñancku Lawen de Comodoro Rivadavia. También se hicieron presentes en el taller, el Director de la Dirección Municipal de Asuntos Indígenas de la ciudad de Puerto Madryn, la Directora de Investigación de la Secretaría de Ciencia, Tecnología, Innovación Productiva y Cultura de la Provincia de Chubut, representantes de la Subsecretaría de Cultura de la provincia y, de forma virtual, el director del IDEAus-CONICET.

Diagrama inicial del taller

Inicialmente se diagramó un taller con una duración mínima estimada de seis horas a desarrollarse entre las 10 am y las 16 pm. El taller dio comienzo con la bienvenida por parte del Director de Asuntos Indígenas del Chubut y con la presentación tanto de los asistentes como de las disertantes del taller, Camila Tamburrini (CT) y María Laura Parolin (MLP). Como marco introductorio a la iniciativa del encuentro se introdujo a los participantes a las problemáticas éticas del trabajo genético con poblaciones Ancestrales y a las recomendaciones que se han suscitado en la literatura actual respecto de estas problemáticas.

Con el objetivo de dar a conocer los estudios genéticos llevados a cabo por el equipo de investigación, se diagramaron dos charlas: una destinada a describir

los estudios que se realizan desde el año 2008 en poblaciones urbanas de la Patagonia, disertada por MLP y otra focalizada en los estudios de poblaciones ancestrales abordadas a través del ADN_a e iniciados en 2018, disertada por CT. Mediante estas actividades se dieron a conocer la metodología de trabajo, los alcances y limitaciones de las herramientas utilizadas, los permisos otorgados por los entes regulatorios de la labor científica, los aspectos éticos que enmarcan el trabajo y los resultados obtenidos hasta el momento.

Si bien inicialmente se diagramó un cronograma con bloques fijos de charlas de aproximadamente 30 minutos seguidos de mesas de discusión (ver material suplementario 1), la interferencia de los participantes fue continua, generándose preguntas y debates a lo largo de las disertaciones. Entre ambas charlas hubo un intervalo para el almuerzo donde la interacción con los participantes se volvió más fluida e informal. Por último se les pidió tanto a los asistentes virtuales como presenciales que completaran una encuesta anónima destinada a evaluar el desarrollo del taller y a diagramar mejoras futuras. También se brindó un espacio para que cada uno pudiera expresar sus opiniones sobre aspectos no planteados en la encuesta (material suplementario 2).

Intervenciones de los participantes

En principio se plantearon preguntas disparadoras en dos mesas de discusión (una por presentación, al finalizar cada una) para fomentar las opiniones de los participantes. Sin embargo, como fue mencionado con anterioridad, las intervenciones de estos fueron constantes en el transcurso de las charlas y, en general, consistieron en preguntas destinadas a evacuar dudas metodológicas o teóricas de las prácticas genéticas y también dar su opinión y cosmovisión. Entre estas intervenciones se destaca la crítica realizada a los estudios de Rodolfo M. Casamiquela, reconocido etnólogo cuyas obras fueron y son ampliamente difundidas en la Patagonia y en las cuales se asignan etnónimos a las poblaciones según limitaciones geográficas y registros etnográficos (Casamiquela, 1965, 1990). Algo que vendría posteriormente analizado críticamente por Lidia R. Nacuzzi en su tesis titulada *Identidades impuestas* (Nacuzzi, 2005). También fue ampliamente compartido el sentimiento de discriminación que sufren los miembros de las comunidades originarias desde los tiempos de la conquista hasta la actualidad. Los rótulos impuestos, el uso del término "indio" con connotación peyorativa y la resistencia de las instituciones educativas para implementar la enseñanza de la lengua *mapudungun* y las costumbres indígenas en años tempranos de escolaridad fueron motivo de reclamo. Además, uno de los participantes planteó su desacuerdo con la teoría de dispersión del humano por las Américas explicada en las charlas, y otro, motivado por su propia historia de vida, expresó su interés en conocer la relación entre herencia

genética y herencia de apellidos.

Llamó la atención entre los presentes, los valores elevados de ancestralidad originaria materna obtenidos a partir de estudios de ADN mitocondrial (ADN_{mt}) en poblaciones urbanas de la región. Cuando se consultó su opinión con respecto a la diferencia con el componente genético autóctono paterno, el cual resulta, de forma generalizada, ser menor respecto del materno en toda Sudamérica (Carvajal-Carmona et al., 2003; Parolin et al., 2019; Tamburrini et al., 2021), los participantes no dudaron en mencionar la Conquista del Desierto como la principal causa de la disparidad observada entre ambos linajes.

Respecto de los estudios realizados en poblaciones antiguas, se introdujeron a los participantes a conceptos relevantes como qué es el ADN_a, de dónde se puede obtener este material y los alcances y limitaciones de la disciplina. Se destinó una parte de la charla a explicar la forma de trabajo con restos arqueológicos de individuos ancestrales, el marco ético-legal con el que se trabaja y a retomar conceptos desarrollados por MPL en la charla previa, a fin de garantizar el entendimiento de conceptos clave como la herencia del ADN_{mt} y el concepto de linaje entendido desde una perspectiva genética,⁷ entre otros. Posteriormente, se presentaron los resultados preliminares de ADN_a hasta el momento obtenido en colaboración con el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH-UNAM, México) y se mencionaron las relaciones y formas de trabajo entabladas entre el IDEAus-CONICET y esta institución. Los resultados presentados enfatizaron la alta diversidad de linajes maternos ancestrales observados, principalmente, en el Holoceno Tardío Inicial (que va desde los 3990 a los 2000 años antes del presente) con una disminución de dicha diversidad hacia el Holoceno Tardío Final (que va desde los 1990 a los 200 años antes del presente). También se enfatizó la presencia y la ausencia de ciertos linajes ancestrales observados en poblaciones actuales urbanas de la misma área de estudio, mencionando tanto la pérdida como la continuidad en tiempo y espacio geográfico de dichos linajes. En el marco de estos resultados, debido a su antigüedad,⁸ llamó la atención, la continuidad en tiempo y espacio geográfico del linaje materno de un individuo de 6080 ± 50 años AP. Esto quedó también expresado en el comentario de uno de los participantes originarios,

⁷ A partir de una consulta pertinente realizada por uno de los participantes, hemos aclarado que el uso del término "linaje" en el contexto de estudios genético/genómico poblacionales es utilizado para hacer referencia a un origen genético materno ancestral en común; definición que podría no guardar relación con el término "linaje" concebido por los pueblos originarios.

⁸ Se les consultó a los participantes cuál creían era la antigüedad del linaje de ADN_{mt} más antiguo observado en poblaciones contemporáneas de Chubut. Las respuestas de los participantes variaron entre 500, y 2000 y 3000 años. Cuando se les informó sobre la antigüedad de un individuo de linaje originario de 6080 años AP expresaron su asombro.

quien, en el espacio brindado para comentarios finales en la encuesta (material suplementario 2), expresó: “Me gustó tener seis mil años en nuestro ADN de existencia.”

Como resultado de esta comunicación y del análisis de las encuestas (ver a continuación), surgió la propuesta de compartir los hallazgos con referentes del ámbito educativo y del área de turismo para difundir y proporcionar conocimiento a la sociedad desde una perspectiva descolonizada y descolonizante.

Evaluación del taller por parte de los participantes a través de una encuesta anónima

Propósito y formato de la encuesta

Con el fin de conocer la opinión de los asistentes respecto de diversos aspectos del taller, se elaboró una encuesta anónima. El cuestionario comenzó indagando sobre la pertenencia o autorreconocimiento de los participantes a una comunidad indígena. Esto se hizo para dar prioridad a las opiniones de los miembros de pueblos originarios, ya que son éstos los principales actores asociados a los estudios genéticos que involucran restos arqueológicos de poblaciones ancestrales. No obstante, también se consideraron las opiniones de los demás participantes, ya que podrían ser útiles para mejorar futuros talleres. De este modo, se logró priorizar las voces de los pueblos originarios sin dejar de considerar las perspectivas de los demás asistentes.

Las preguntas subsiguientes se destinaron a conocer la opinión de los participantes respecto del desarrollo del taller en general (interés, claridad de objetivos y preferencia en la frecuencia de los encuentros) y de los estudios genéticos en particular; esto último con el fin de indagar sobre su utilidad e importancia (o no). La segunda sección de la encuesta se destinó a evaluar la claridad en la comunicación y el respeto de las expositoras (MLP y CT) frente a la diversidad de concepciones y opiniones. Por último, en la sección final de la encuesta, se dejó abierto un espacio para que los participantes pudieran, desde el anonimato, registrar sus inquietudes, dudas y opiniones respecto de los estudios genéticos y sugerencias para mejorar el diseño y organización de los próximos encuentros. Además, se destinó una pregunta a conocer las formas de difusión preferidas por los participantes y la terminología con la que los participantes pertenecientes o autorreconocidos como comunidades originarias que asistieron al encuentro prefieren ser mencionados (material suplementario 2).

Análisis de las encuestas: Sobre el taller y su relevancia

A fin de conocer el interés de los presentes por el desarrollo del encuentro y por la continuidad de este, se diagramaron preguntas destinadas a evaluar la opinión de los encuestados. Estas fueron: ¿Cómo evaluaría esta primera edición del taller? ¿Qué tan claros fueron los objetivos del taller? ¿Te parece relevante/importante

que se desarrollen estudios genéticos? ¿Cree que los estudios genéticos puedan ser útil? ¿En qué aspectos crees que puede ser útil la herramienta genética? Se brindaron opciones de valoración tanto positivas como negativas y un espacio asignado como “Otro” para que los encuestados pudieran desarrollar en detalle sus opiniones (ver material suplementario 2).

Un total de 28 participantes completaron la encuesta proporcionada, 12 de los cuales (42,9%) dijeron pertenecer a una comunidad originaria (Figura 1). Un participante mencionó que solo pudo observar una parte del taller por mala conectividad de internet, por lo que no contestó las preguntas referidas a la importancia y claridad del taller ni las preguntas destinadas a evaluar a las expositoras. En términos generales, los 27 encuestados que sí respondieron dichas preguntas, consideraron que el encuentro fue “interesante” y que pudieron comprender de manera “muy clara” (57,1%) o “clara” (39,3%) los objetivos del mismo. De los participantes originarios, nueve respondieron “muy clara” (75%) y tres “clara” (25%) (Figura 1). Los 28 encuestados consideraron relevante la realización de estudios genéticos en poblaciones humanas, uno de los cuales, no perteneciente a una comunidad originaria, aclaró que estos “deben estar acordados con las autoridades indígenas.”

Entre las posibles utilidades de la disciplina reportada por los asistentes autorreconocidos como originarios (N=12; 42,9%) se destaca el aporte de los estudios al conocimiento y reconstrucción de historias familiares a través de la genealogía genética materna/paterna (58,3%), y la contribución al conocimiento del pasado de sus ancestros (33,3%). Asimismo, varios participantes autorreconocidos como originarios, dejaron apreciaciones con respecto a este punto en el espacio ofrecido para otras apreciaciones. “Me gustó mucho el taller, lo importante de saber de mis antepasados,” “[...] muy útil para los pueblos originarios. [S]e pueden defender derechos fundamentados en la investigación genética,”⁹ entre otros comentarios similares.

A lo largo del taller, muchos participantes resaltaron la importancia de difundir la información transmitida en el taller a diferentes ámbitos sociales, entre los que se destacó el ámbito educativo. Así lo mencionó un participante perteneciente a una comunidad originaria en la encuesta, quien además enfatizó la necesidad de formar a docentes y futuros docentes: “Lo considero útil también para brindar esta información a los futuros docentes, para ir cambiando paradigmas y empezar a descolonizar el pensamiento.” Otro participante, también originario, respondió “memoria, verdad, justicia pueblos originarios” como posible utilidad de los estudios genéticos. Esta última respuesta puede

⁹ Comentario completo: “Me gust[ó] mucho el taller super interesante y muy bien explicado simple el trabajo muy útil para los pueblos originarios. se pueden defender derechos fundamentados en la investigación genética.”

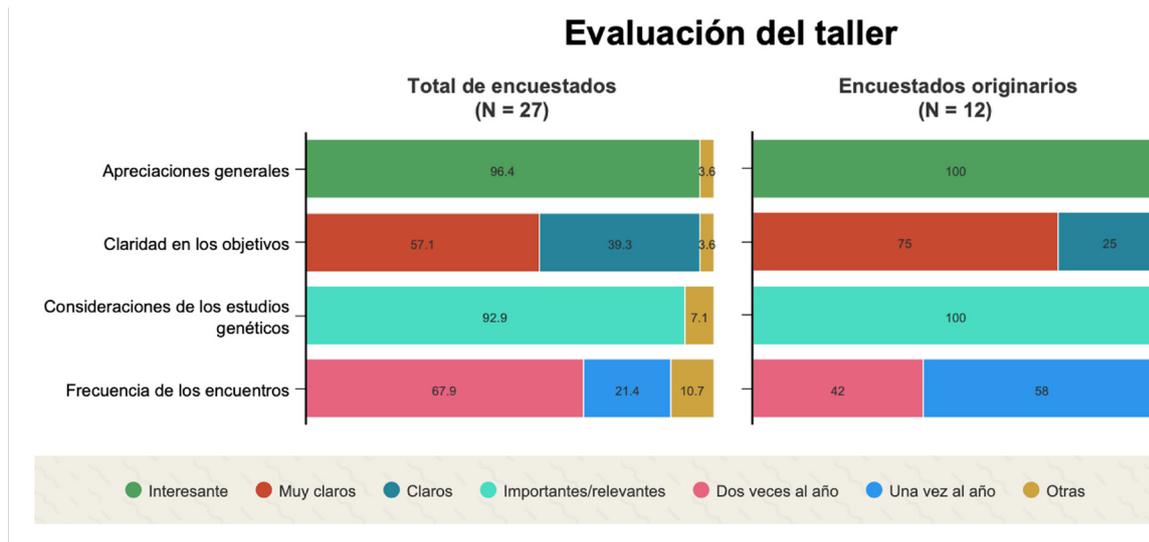


Figura 1. Representación gráfica de las respuestas de los encuestados respecto del desarrollo y organización general del taller. Los valores se expresan en porcentaje. Número de respuestas totales (28) y de miembros de comunidades originarias (12). Aclaración de la categoría "Otras": en "Apreciaciones generales" y "Claridad en los objetivos" refiere al comentario de un participante que tenía mala conectividad y quien no respondió esas preguntas, en "Consideraciones de estudios genéticos" hace referencia a los comentarios "deben estar acordados con las autoridades indígenas" y "Para poder conocer los antepasados de los pueblos originarios! Es super importante e interesante." Por último, en "Frecuencia de los encuentros" la categoría "Otras" refiere a comentarios de tres participantes "más talleres," "las veces que se lo convoque" y "cada vez que se pueda, depende de la disponibilidad horaria." Para más especificaciones remitirse al material suplementario 2.

Figure 1. Summary of the participant's assessment regarding the development and general organization of the workshop. Values are expressed in percentages. Number of survey responders (28) and indigenous' people (12). Clarification of the category "Others": in "General appreciations" and "Clarity in the objectives," it refers to a participant's comment who had poor connectivity and did not answer those questions. In "Considerations of genetic studies," it refers to the comments "must be agreed upon with indigenous authorities" and "to be able to learn about the ancestors of native peoples! It is super important and interesting." Finally, under "Frequency of meetings," the "Other" category refers to comments from three participants: "more workshops," "as often as called for," and "whenever possible, depending on time availability." For further specifications refer to supplementary material 2. For further specifications refer to supplementary material 2.

ser interpretada como la necesidad de ampliar el histórico grito de justicia, comúnmente atribuido a la Argentina de la década del '70 a la historia de genocidio e invisibilización de los pueblos originarios. Esto queda aseverado en los comentarios finales de este participante, quien destaca que estos talleres son importantes para "dar difusión [y] contrarrestar la visión racista," a la vez que menciona que esa clase de estudios podría contribuir a que "el [E]stado reconozca [la] existencia de los pueblos originarios."

Sobre las comunicadoras

Claw et al. (2018) han definido a la competencia cultural como la "habilidad de reconocer, comunicar y entender las diferencias culturales mientras se interactúa de manera efectiva con personas de diferentes culturas." En este marco, los autores resaltan la importancia de relacionarse con las comunidades indígenas de forma humilde, empática y con buena disposición para escuchar críticas y sugerencias, así como también ha sido resaltada la importancia de comunicar de forma clara y accesible la información que se quiere transmitir.

Con el fin de evaluar la forma en que las disertantes se

dirigieron a los participantes del taller, se destinó una sección de la encuesta a evaluar estos aspectos a través de las siguientes preguntas: ¿Qué tan clara fue la forma de hablar de las investigadoras en sus exposiciones? ¿Qué tan bien respondieron las investigadoras a las preguntas/dudas/inquietudes de los presentes? ¿Qué tan respetuosa fueron las investigadoras respecto de las diferencias de pensamiento de los presentes? y ¿Qué tan receptivas se mostraron las investigadoras a las sugerencias de los participantes? Al igual que en la sección anterior de la encuesta, se brindaron opciones de valoración tanto positivas como negativas y un espacio asignado como "Otro" (material suplementario 2).

Con relación a la primera y a la segunda de estas preguntas, el total de participantes que respondió esta sección de la encuesta (N=27) opinó que la exposición por parte de las investigadoras fue "muy clara" (74,1%) o "clara" (25,9%) (Figura 2), y que las preguntas e inquietudes del público fueron respondidas "muy bien" (77,8%) o "bien" (22,2%). De los participantes pertenecientes a comunidades originarias 11 respondieron "muy clara" y "muy bien" (92%) (Figura 2), mientras que solo uno respondió "clara" y "bien." Entre aquellos participantes

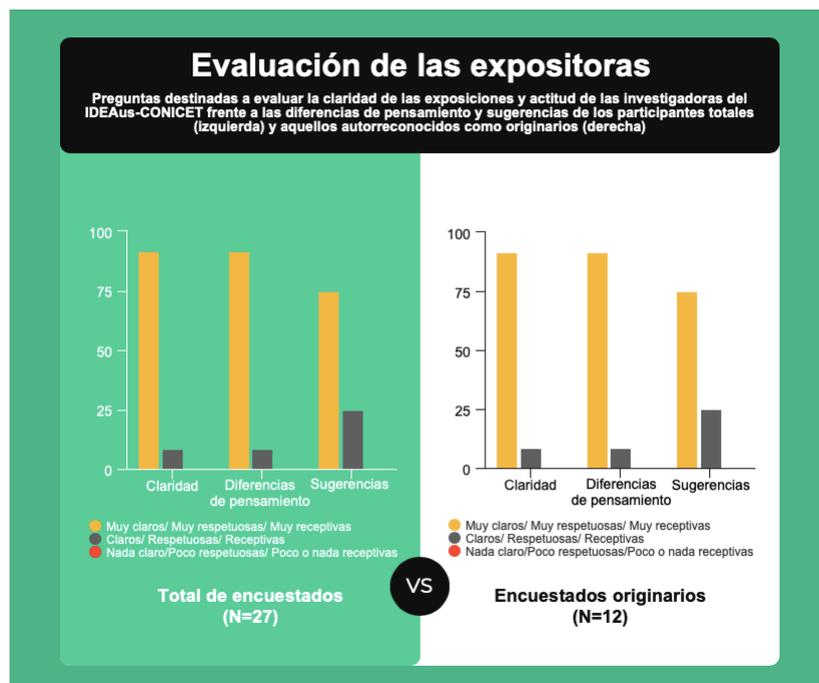


Figura 2. Apreciaciones por parte de los participantes respecto de la claridad de las expositoras y a las actitudes de estas ante diferencias de pensamientos y sugerencias de la audiencia. Para más especificaciones remitirse al material suplementario 2.

Figure 2. Participants' assessment regarding the clarity of the speakers and their attitudes in the face of differences in thoughts and suggestions from the audience. For further specifications refer to supplementary material 2.

que respondieron "clara" o "bien" en las respectivas preguntas uno sugirió que: "Las instructoras deberían exponer su presentación, y después dar un espacio de preguntas, así es más organizado." Creemos que esta aclaración, por parte de un participante no originario, se debió a las múltiples intervenciones de los participantes durante las charlas. En este aspecto si bien entendemos que las exposiciones con formato que aquí denominamos "intervención inmediata"¹⁰ pueden resultar más engorrosas e intermitentes, consideramos que este tipo de intervención favorece el intercambio de saberes y opiniones y el entendimiento de los contenidos por parte del público. En relación con las respuestas de los encuestados, es pertinente aclarar que también se dieron como opciones valoraciones negativas como "no tan claras," "nada claras," "regular" y "nada bien," aunque ninguna de estas opciones fue seleccionada por los participantes (material suplementario 2).

Siguiendo con la evaluación por parte de los encuestados con relación a las investigadoras a cargo de las charlas, el 88,9% de ellos opinó que la actitud de las expositoras frente a las diferencias de pensamiento u opiniones fue "muy respetuosa" y el 11,1% "respetuosa," mostrándose "muy receptivas" (77,8%) y "receptivas" (22,2%) a las sugerencias y aportes del público. Del grupo de participantes pertenecientes a comunidades originarias (N=12), el 92% respondió "muy respetuosa," el 8% "respetuosa" y el 75% "muy receptivas" y el 25% "receptivas" (Figura 2). A pesar de tener un espacio abierto a comentarios en esta pregunta, ninguno de los encuestados que respondió "respetuosa" o "receptiva"

¹⁰ Definimos intervenciones "inmediatas" a aquellas que interrumpen la exposición del disertante para hacer alguna consulta o comentario. En contraparte, en las intervenciones "no inmediatas" se espera hasta la finalización de la exposición para que los participantes o audiencia hagan comentarios, preguntas y sugerencias.

hizo alguna nota aclaratoria que pudiera dar indicios de por qué no se dio el máximo de puntuación positiva en estos ítems, lo que hubiera sido de utilidad para implementar mejoras futuras. Al igual que en el punto anterior, se aclara que también se dieron como opción valoraciones negativas como "algo respetuosas" y "nada respetuosas" y "poco receptivas" y "no se mostraron receptivas," aunque ninguna de estas fue seleccionada por los participantes (material suplementario 2).

Sobre la autodenominación: uso de etnónimos y rótulos impuestos

El uso de etnónimos ha sido ampliamente debatido en la literatura referida a estudios de muestras arqueológicas ancestrales (Cruz, 2017; Di Fabio Rocca et al., 2021) y poblaciones del período posterior al contacto europeo (Nacuzzi, 2005). En estos trabajos se destaca la falta de criterio por parte de algunos investigadores a cargo de los estudios para la adscripción de los individuos a alguna categoría del repertorio proporcionado por las fuentes históricas, el cual, además de amplio, resulta ser fluctuante e impuesto.

Asimismo, consideramos que extrapolar en el tiempo un mismo rótulo identitario o etnónimo, tema exhaustivamente abordado por Nacuzzi (2005), indefectiblemente niega el carácter dinámico de las poblaciones y sus identidades. Al respecto y para la región patagónica, Nacuzzi sostiene que los nombres históricamente asignados a las naciones étnicas por autores ampliamente difundidos en la literatura corresponden a un panorama válido para mediados del siglo XIX (Nacuzzi, 2005). En los papeles de archivo del período comprendido entre los años 1779 y 1784, analizados por esta autora, aparece poco mencionado, por ejemplo, el etnónimo "Tehuelche"; sin embargo, es aplicado casi con exclusividad y sin aparente

fundamentación a los grupos de la Patagonia extrandina en las obras analizadas. Vale aclarar que, entre los autores de estas obras, se encuentra Rodolfo M. Casamiquela, quien fue ampliamente criticado por varios de los participantes del taller.

Por otro lado, trabajos publicados recientemente por autores pertenecientes a instituciones estadounidenses y británicas han sugerido evitar el uso de los términos "Amerindio", "Nativo(s)", "Nativo(s) Americano(s)" y "Primeras naciones" implementados previamente en trabajos de autoría y coautoría propia (Parolin et al., 2019; Tamburrini et al., 2021), argumentando que estos nacieron en contextos diferentes y conllevan, por lo tanto, concepciones arraigadas a dichos contextos (Birney et al., 2021; K. S. Tsosie et al., 2020). Estos artículos sugieren la utilización de los términos "Indígena" y "población Indígena" para todas aquellas comunidades por fuera de Estados Unidos y Canadá. En este aspecto, la Argentina otorga personería jurídica y define el término "comunidad indígena" mediante la Ley N° 23302/85 del año 1985 como "[...] los conjuntos de familias que se reconozcan como tales por el hecho de descender de poblaciones que habitaban el territorio nacional en la época de la conquista o colonización e indígenas o indios a los miembros de dicha comunidad."

Con el objetivo de no perpetuar la imposición de rótulos ni restringirnos a una Ley creada hace ya más de 35 años, consultamos a los participantes del taller el término de preferencia para hacer alusión a las comunidades que actualmente habitan la región. Tres opciones fueron proporcionadas atendiendo a que son los términos más difundidos en la literatura referida a la genética de poblaciones: Comunidad Indígena, Comunidad Originaria y Comunidad Nativa. Una cuarta opción se definió como "Todas las anteriores" y se brindó un espacio rotulado como "Otro" para que los participantes pudieran responder libremente. El análisis de esta pregunta se limitó a aquellos encuestados que expresaron pertenecer a una comunidad originaria (N=12). De ellos, el 58,3% reportó preferir el término Comunidad originaria/Pueblo originario, mientras que 33,3% consideró que todas las opciones brindadas eran apropiadas. En esta pregunta solo un participante (8,3%) reportó Comunidad indígena/Pueblo indígena como única opción preferida y dos encuestados (16,6%) respondieron con el nombre particular de su comunidad. Uno de ellos, expresamente mencionó la necesidad de cambiar conceptos que llevan arraigados injusticia:

"Nos autorreconocemos como mapuche y gүнүн a күнна 'gente por excelencia' (mal dicho tehuelche). Pueblo originario no me molesta, solo que a nivel legal se reconoce pueblo indígena, algo que hay que cambiar porque en 200 años en los estados americanos a nivel legal no hay justicia ni igualdad, ni equidad con los pueblos

originarios."

Sobre la periodicidad del taller y la difusión de los resultados de los estudios genéticos

Otra crítica frecuente en la literatura que aborda los aspectos éticos del quehacer científico en general y en particular de los estudios de genética que involucra a poblaciones originarias ancestrales y comunidades descendientes, es la ausencia de compromiso por parte de los investigadores en la divulgación de los resultados (Claw et al., 2018; Wagner et al., 2020). Estos trabajos sugieren consultar con las comunidades las formas de difusión que garanticen la accesibilidad y el entendimiento de los resultados y métodos de trabajo, así como las actualizaciones de las investigaciones en desarrollo. Esto contribuye a fomentar la responsabilidad a largo plazo por parte de los investigadores y a mejorar la transparencia de las prácticas científicas. A fin de evaluar con qué periodicidad creían pertinente los participantes realizar estos encuentros, se destinó una pregunta de la encuesta a conocer la frecuencia con la que los participantes consideraban deberíamos llevar a cabo los talleres.

Del total de encuestados (N=28), la mayoría sugirió que la frecuencia de los talleres fuera de dos encuentros por año (67,9%), mientras que un porcentaje menor de participantes (21,4%) prefiere un encuentro anual (Figura 1). Otros tres respondieron "cada vez que se pueda, depende de la disponibilidad horaria [sic]," "las veces que se lo convoque" y "más talleres." Acotando el análisis de las respuestas a aquellos encuestados que reportaron pertenecer a una comunidad originaria (N=12), al 42% (N=5) les parece apropiado que los encuentros se desarrollen una vez por año, y al 58% (N=7), dos veces por año (Figura 1).

Asimismo, y tal como fue mencionado en la sección sobre las motivaciones que llevaron a proponer el taller, pese a la difusión realizada en medios radiales y periódicos locales (ver algunos links de noticias¹¹) la mayoría de los participantes no conocían los trabajos de investigación llevados a cabo desde el año 2008 en poblaciones urbanas de las provincias de Río Negro, Chubut y Tierra del Fuego. Atendiendo a las recomendaciones mencionadas anteriormente y al desconocimiento de los participantes respecto de los trabajos realizados hasta el momento, una pregunta de la encuesta fue destinada a conocer los medios de comunicación de preferencia para informar y difundir los avances de los proyectos de investigación. Del total de encuestados (N=28), 17 dijeron que los encuentros (presenciales y virtuales) eran los más útiles, seis respondieron que los diarios y medios radiales locales lo eran, y cuatro respondieron que ambas opciones eran útiles para difundir los resultados y los avances

¹¹ Links a noticias de difusión:

<https://youtu.be/pQ4yQrLabDc>

<https://efecinonoticias.com/2022/03/29/trelew-un-estudio-genetico-indica-que-predomina-la-ancestria-materna-indigena-en-la-ciudad/>
<https://www.youtube.com/watch?v=a3bEuFBMFew>

de la investigación en curso. Uno de los encuestados respondió que todos los medios de comunicación deberían ser utilizados. Restringiendo el análisis a aquellos participantes pertenecientes a comunidades originarias (N=12), la encuesta arrojó que el 50% de ellos prefiere los encuentros virtuales y presenciales, el 25% los diarios y medios radiales locales y el 25% restante, ambas formas de difusión, incluyendo un participante que consignó que sería importante incluir como medio de difusión libros de textos para la educación primaria y secundaria.

Además de incluir estas sugerencias de difusión en nuestra labor, es importante sugerir a quienes busquen establecer este tipo de relaciones con comunidades indígenas la constante comunicación con los entes regulatorios pertinentes, como lo son en este caso la Dirección de Investigación de la Subsecretaría de Cultura y Secretaría de Ciencia, Tecnología, Innovación Productiva y Cultura de Chubut, a donde hemos remitido informes técnicos detallando la labor que se viene desarrollando en materia de análisis genómicos en restos arqueológicos humanos cumpliendo con la Ley XI N°11 "Régimen de las Ruinas y Yacimientos arqueológicos, antropológicos y paleontológicos," y su Decreto Reglamentario N° 1387/98.

Sobre los comentarios finales de los participantes

Con el objetivo de que los participantes pudieran expresar críticas, comentarios y/o sugerencias desde el anonimato, se destinó un espacio de la encuesta a estos fines bajo la pregunta: "¿Hay algo más que te gustaría compartir con nosotros sobre el taller? Acá podés expresar libremente si te gustó el taller, qué te gustó, qué NO te gustó, qué cambiarías/ agregarías en los futuros encuentros, etc" (ver material suplementario 2).

Entre los comentarios finales y opiniones de los participantes pertenecientes a comunidades originarias se destaca la sugerencia de dos de ellos acerca de la disposición de las sillas durante el encuentro y sugieren que las mismas sean puestas "en forma circular porque [de] esta forma nos enseñaron nuestras *kimche* (sabios) porque todos somos iguales y no hay diferencias entre nosotros [sic]." Uno de ellos, además, mencionó que le hubiera gustado "más concurrencia de *wariache* (mapuches de ciudad)" dado que "es un tema presente en cada uno de nuestros *trauwun* (parlamentos de debate) [sic]."¹² Estos comentarios nos alertan sobre dos puntos fundamentales de la dinámica de los encuentros. Por un lado, es necesario adoptar una dinámica de presentación que haga sentir a los participantes más

¹² Comentarios completos: "Me gusto el taller como sugerencia la disposición de las sillas se tendr[í]a que hacer en forma circular porque esta forma nos enseñaron nuestros sabios porque todos somos iguales porque no hay diferencias" y "Me hubiese gustado m[á]s concurrencia de *wariache* (mapuches de ciudad) es un tema presente en cada uno de nuestros *trauwun* (parlamentos de debate), como sugerencia la disposición de las sillas se tendr[í]a que hacer en forma circular porque así nos han enseñado nuestras *kimche* (sabios)."

participes y no como meros espectadores de una ponencia o que dé la sensación de que "no somos todos iguales." Por el otro lado, es necesario ampliar la convocatoria de miembros de comunidades Mapuche-Tehuelche de la provincia.

Fue generalizada, entre los participantes, la importancia de continuar con la difusión de los trabajos en curso y sus resultados mediante encuentros dirigidos no solo a las comunidades originarias sino también al resto de la sociedad, a quienes trabajan en los medios de comunicación y en el área de turismo. Esto quedó plasmado en los comentarios finales de algunos de los encuestados pertenecientes a comunidades originarias quienes expresaron: "Me gustó mucho el taller lo importante de saber de mis antepasados," "Me gustó mucho el taller fueron muy claras," "Me gustó mucho el taller super interesante y muy bien explicado simple el trabajo muy útil para los pueblos originarios. Se pueden defender derechos fundamentados en la investigación genética," "[...] las investigaciones fueron muy claras y nos enseñaron mucho sobre estos temas presentados [...]. Agradecer a la [D]irección de [A]suntos [I]ndígenas y a las señoras antropólogas biólogas."¹³

También se mencionó la importancia de contar con la participación de legisladores y autoridades provinciales y nacionales en los futuros encuentros del taller dado que, como menciona un participante originario en su encuesta:

"Difundir esta información permite contrarrestar la visión racista. Es necesario que el [E]stado reconozca la existencia de los pueblos originarios. Las investigaciones brindan información y herramientas importantes que ayudan a las comunidades, demostrando que un alto porcentaje de la población pertenece a un pueblo ancestral."

Comentarios similares fueron expresados por el grupo de participantes no autorreconocidos como pertenecientes a un pueblo originario: "El taller para mí fue muy interesante y una herramienta fundamental para poder transmitir saberes, sobre todo el conocimiento cien[tí]fico," "La verdad me encantó y me pareció super interesante, a la espera de volver a escucharlas," "Muy interesante y oportuno," "felicitaciones que se repita," "Me gustó mucho el taller, fue muy rico en contenido para mi formación profesional," "Estuvo el taller excelente [...] la intención del taller y lo poco que pude escuchar fue respetuoso, comprensivo, claro. Gracias por esta oportunidad."¹⁴

¹³ El comentario completo es el siguiente: "Mucha informaci[ó]n más argumentos y herramientas que ayudan a las comunidades, 'hacen historia' y las investigaciones fueron muy claras y nos enseñaron mucho sobre estos temas presentados demostrando que un alto porcentaje de la población pertenece a pueblo ancestral. Agradecer a la dirección de asuntos indígenas y a las señoras antrop[ó]logas bi[ó]logas."

¹⁴ El comentario completo y sin modificación es el siguiente: "Estuvo en taller excelente pude escuchar solo la primera parte el audio era

Fallas en la organización y mejoras futuras

En esta primera versión del taller nos encontramos con algunos problemas técnicos y organizativos, principalmente en lo concerniente a la modalidad virtual. En primer lugar, algunos inscriptos virtuales tuvieron problemas de conectividad. Esto se reflejó en comentarios de los participantes virtuales durante la jornada y en sus comentarios finales: "Lamentablemente una sola vez pude conectarme desde el lugar en el que vivo. A raíz de la nieve quizás no había internet porque se congelan los paneles. Por ende no pude escuchar el taller de manera completa," "me había anotado para presencial y no pude asistir, me sirvió mucho que manden el link aunque tuve algunas dificultades de conexión, pude seguir bastante la jornada" y "[...] pude escuchar solo la primera parte el audio era malo no me llegaba bien la señal estoy en una zona agreste de la Patagonia [...]."

Lamentablemente, el encuentro no fue grabado por falta de personal de ayuda y recursos básicos. En segundo lugar, no fue registrada la efectiva participación de aquellos preinscriptos bajo modalidad virtual, por lo que no contamos con el número exacto de asistentes bajo este formato. Información aproximada basada en el número de conectados al momento del evento, número de encuestas virtuales respondidas y los nombres de quienes interactuaron en el chat del evento fue utilizada para la presente comunicación.

Mejorar la difusión del evento para aumentar el número de participantes originarios e implementar otras formas de acercamiento hacia las comunidades originarias que no cuenten con la posibilidad de traslado o con los recursos tecnológicos necesarios para conectarse de forma virtual será también contemplado en encuentros futuros. Dos comentarios recopilados de las encuestas hacen alusión a esto "Creo que sería importante mayor difusión para visibilizar mejor los resultados" y "Garantizar la más amplia participación de todas las comunidades." Por otro lado, si bien las intervenciones de los participantes fueron constantes y a través de estas narrativas orales se transmitieron valores, conocimientos tradicionales y pareceres sobre los estudios genéticos en desarrollo, consideramos necesario fomentar una mayor participación de las comunidades en los talleres. Esto permitirá brindar un espacio de diálogo que contemple en profundidad sus perspectivas y conocimientos culturales así como las opiniones respecto del trabajo realizado por parte de la comunidad científica. Estos aspectos resultan fundamentales para garantizar el carácter bidireccional de la transferencia de conocimientos en estos encuentros.

En futuros encuentros, se pretende enriquecer el proceso de generación y análisis de las encuestas mediante la

malo no me llegaba bien la señal estoy en una zona agreste de la Patagonia el problema Creo era yo con mi wi-fi pero la intención del taller y lo poco que pude escuchar fue respetuoso comprensivo claro Gracias por esta oportunidad."

incorporación del trabajo de etnólogos y sociólogos. Esto permitirá tener una comprensión más profunda de las diferentes culturas y contextos socioculturales involucrados, lo que contribuirá a formular preguntas más relevantes y sensibles. Por otro lado, ayudará a interpretar los resultados de las encuestas en un marco social más amplio, considerando factores como las relaciones de poder, las estructuras sociales y las dinámicas culturales. Con la colaboración de estos especialistas, se espera lograr una mejor comprensión y análisis de los datos recopilados. Asimismo, y a raíz de los comentarios de varios de los participantes, en talleres futuros se invitará a los medios de comunicación y a miembros de las instituciones gubernamentales con competencia en la materia" y eliminar "a que formen parte de estos encuentros.

Consideraciones finales

En términos generales, el taller se desarrolló con un gran entusiasmo por parte de los asistentes quienes de forma generalizada expresaron la necesidad de difundir los hallazgos de estos estudios no solo hacia dentro de las comunidades originarias sino hacia la sociedad toda, incluidos "legisladores, ministros provinciales y nacionales"¹⁵ con el objetivo de concientizar desde una mirada que contemple el respeto por la pluralidad de perspectivas culturales y cosmovisiones. De esta forma se podrán ir cambiando paradigmas y descolonizando el pensamiento tal como lo expresaron en las encuestas miembros de comunidades originarias. Este punto, ampliamente resaltado por los participantes originarios del taller, se enlaza con otro de los puntos transmitidos de forma generalizada por este grupo de participantes y respecta a la lucha por la visibilización y el reconocimiento de los derechos fundamentales y de la preexistencia indígena en el territorio nacional. Esto quedó expresamente plasmado en comentarios como "[...] se pueden defender derechos fundamentados en la investigación genética," "dar difusión/contrarrestar la visión racista," "que el estado reconozca existencia de los pueblos originarios," "Mucha información más argumentos y herramientas que ayudan a las comunidades," entre otros comentarios aludidos en el texto que destacan que, por lo menos para el grupo de participantes que asistió al evento, la información genética no solo les permite conocer más sobre sus antepasados, sino que lo ven, principalmente, como una herramienta más en la lucha el reconocimiento en la que se encuentran. En este marco, y tal como ha sido mencionado en la normativa ética de referencia en la temática de estudios genéticos con poblaciones indígenas y ancestrales, es importante no sobrevalorar ni sobrevender los alcances de los estudios genéticos.

A pedido de los asistentes, una vez finalizado el encuentro

¹⁵ Comentario final de uno de los participantes originarios: "Es necesaria la participaci[ó]n de legi[s]ladores, ministros provinciales y nacionales"

se difundieron las presentaciones en formato pdf con una breve explicación de cada diapositiva y bibliografía pertinente a la temática como los trabajos de Lidia R. Nacuzzi y links a medios radiales y periódicos locales referentes a los trabajos que las investigadoras del IDEAus-CONICET y que otros colegas vienen desarrollando en poblaciones de la Patagonia. Asimismo, una copia de la presente comunicación será entregada a la Dirección de Asuntos Indígenas del Chubut, quien se encargará de darle difusión entre las comunidades originarias de la provincia, y a la Subsecretaría de Cultura de la Provincia del Chubut.

A partir de este primer encuentro, esperamos consolidar en el futuro un modelo de trabajo que contemple el desarrollo de objetivos conjuntos en el marco del respeto por las comunidades originarias y su ancestralidad. Asimismo, se replicarán estas encuestas en los próximos talleres para aumentar el número de encuestados y las voces de las comunidades originarias y del público en general.

Puerto Madryn, 29 de julio del 2023

Agradecimientos

Agradecemos a los miembros de las comunidades originarias que participaron del encuentro y a aquellas que no pudieron asistir pero que hicieron llegar su interés en presenciar encuentros futuros del taller. Agradecemos a los participantes no miembros de pueblos originarios por su interés, al personal del Centro Cultural por la Memoria de Trelew por el espacio brindado, al personal de la Dirección de Asuntos Indígenas quienes ayudaron a organizar el refrigerio y a la Subsecretaría de Cultura por hacerse presente. También queremos agradecer a la Lic. I. F. Velázquez por su asistencia técnica durante el taller y a la Dra. J. Gómez Otero por sus recomendaciones en la organización del mismo. Agradecemos a la Dra. M. Ávila-Arcos y a su grupo de trabajo, especialmente a V. Villas-Islands y M. Bravo-López por el trabajo conjunto que venimos desarrollando y a A. Castillo Carbajal, J. García Sotelo y C. Uribe Díaz por su apoyo técnico en el proyecto. También agradecemos a L. A. Aguilar Bautista del LAVIS-UNAM por la ayuda bioinformática en los estudios genómicos en desarrollo.

Bibliografía

Argüelles, J. M., Fuentes, A., & Yáñez, B. (2022). Analyzing asymmetries and praxis in aDNA research: A bioanthropological critique. *American Anthropologist*, 124(1), 130-140. <https://doi.org/10.1111/aman.13692>

Ávila-Arcos, M. C., de la Fuente Castro, C., Nieves-Colón, M. A., & Raghavan, M. (2022). Recommendations for sustainable ancient DNA research in the

Global South: Voices from a new generation of paleogenomicists. *Frontiers in Genetics*, 13(880170), 1-8. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.880170>

- Bandieri, S. (2011). *Historia de la Patagonia* (2.^a ed.). Sudamericana. <https://larepublicadeloslibros.wordpress.com/2019/01/18/bandieri/>
- Bardill, J., Bader, A. C., Nanibaa'A, G., Bolnick, D. A., Raff, J. A., Walker, A., & Malhi, R. S. (2018). Advancing the ethics of paleogenomics. *Science*, 360(6387), 384-385. <https://doi.org/10.1126/science.aag1131>
- Birney, E., Inouye, M., Raff, J., Rutherford, A., & Scally, A. (2021). The language of race, ethnicity, and ancestry in human genetic research. *arXiv preprint arXiv:2106.10041*. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2106.10041>
- Carvajal-Carmona, L. G., Ophoff, R., Hartiala, J., Molina, J., Leon, P., Ospina, J., Bedoya, G., Freimer, N., & Ruiz-Linares, A. (2003). Genetic demography of Antioquia (Colombia) and the central valley of Costa Rica. *Human genetics*, 112(5-6), 534-541. <https://doi.org/10.1007/s00439-002-0899-8>
- Casamiquela, R. M. (1965). *Rectificaciones y ratificaciones hacia una interpretación definitiva del panorama etnológico de la Patagonia y área septentrional adyacente*. Cuadernos del sur Bahía Blanca. <https://searchworks.stanford.edu/view/25404>
- Casamiquela, R. M. (1990). Los pueblos indígenas. *Ciencia Hoy*, 2(7), 18-29. <https://www.cienciahoy.org.ar/ch/hoy07/index.htm>
- Claw, K. G., Anderson, M. Z., Begay, R. L., Tsosie, K. S., Fox, K., & Nanibaa'A, G. (2018). A framework for enhancing ethical genomic research with Indigenous communities. *Nature communications*, 9(2957), 1-7. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-05188-3>
- Cortez, A. D., Bolnick, D. A., Nicholas, G., Bardill, J., & Colwell, C. (2021). An ethical crisis in ancient DNA research: Insights from the Chaco Canyon controversy as a case study. *Journal of Social Archaeology*, 21(2), 157-178. <https://doi.org/10.1177/1469605321991600>
- Cosmai, N. P., Folguera, G., & Outomuro, D. (2013). Restitución, repatriación y normativa ética y legal en el manejo de restos humanos aborígenes en Argentina. *Acta bioethica*, 19(1), 19-27. <https://doi.org/10.4067/S1726-569X2013000100003>

- Cruz, P. (2017). Los unos en los otros. Reflexiones sobre la identidad y la otredad en los estudios sobre el pasado. *Texto Antropológicos*, 18(1), 109-122. <https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/63269>
- Di Fabio Rocca, F., Russo, M. G., Arencibia, V., & Seldes, V. (2021). Ancient DNA studies: Use of ethnonyms and collaborative research in South America. *Journal of Anthropological Archaeology*, 61, 101265. <https://doi.org/10.1016/j.jaa.2020.101265>
- Endere, M. L. (2020a). Latin America: Indigenous Peoples' Rights. En C. Smith (Ed.), *Encyclopedia of Global Archaeology* (2.ª ed., Vol. 1, pp. 1-20). Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-51726-1_1843-2
- Endere, M. L. (2020b). Restitution policies in Argentina: The role of the state, Indigenous peoples, museums, and researchers. En *The Routledge Companion to Indigenous Repatriation* (1.ª ed., Vol. 1, pp. 188-207). Routledge. <https://doi.org/10.4324/9780203730966>
- Fleskes, R. E., Bader, A. C., Tsosie, K. S., Wagner, J. K., Claw, K. G., & Garrison, N. (2022). Ethical Guidance in Human Paleogenomics: New and Ongoing Perspectives. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 23(15), 15.1-15.26. <https://doi.org/10.1146/annurev-genom-120621-090239>
- Fox, K., & Hawks, J. (2019). Use ancient remains more wisely. *Nature*, 572, 581-583. <https://doi.org/10.1038/d41586-019-02516-5>
- García, A., Pauro, M., Bailliet, G., Bravi, C. M., & 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. <https://doi.org/10.1038/s10038-017-0406-7>
- Gómez Otero, J. (2012). La importancia de rescatar los enterratorios humanos en riesgo: Experiencias en el nordeste de la provincia de Chubut. *Cazadores-recolectores del Cono Sur. Revista de Arqueología*, 5(1), 15-34. <https://suquia.ffyh.unc.edu.ar/handle/suquia/16551>
- Guichón, R. A., García Laborde, P., Motti, J. M. B., Martucci, M., Casali, R., Huilinao, F., Maldonado, M., Salamanca, M., Bilte, B., & Guevara, A. (2015). Experiencias de trabajo conjunto entre investigadores y pueblos originarios: El caso de Patagonia Austral. *Revista argentina de antropología biológica*, 17(2), 1-8. <https://doi.org/10.17139/raab.2015.0017.02.05>
- Nacuzzi, L. R. (2005). *Identidades impuestas. Tehuelches, aucas y pampas en el norte de la Patagonia* (2.ª ed., Vol. 1). Sociedad argentina de antropología. <http://periplosfronteras.com.ar/libros/Nacuzzi%20-%20Identidades%20Impuestas.pdf>
- Nahuelquir, S., Huilinao, C., Huilinao, F., Guichón, R. A., Caracoche, M. S., & García Laborde, P. (2015). Trabajamos juntos. Antes y después de la ordenanza municipal de Puerto Santa Cruz 169/9. En M. Fabra, M. Montenegro, & M. E. Zabala (Eds.), *La arqueología pública en Argentina: Historias tendencias y desafíos en la construcción de un campo disciplinar* (Vol. 27, pp. 77-92). Editorial de la Universidad Nacional de Jujuy (EDIUNJU). <https://ffyh.aulavirtual.unc.edu.ar/login/index.php>
- Orlando, L., Allaby, R., Skoglund, P., Der Sarkissian, C., Stockhammer, P. W., Ávila-Arcos, M. C., Fu, Q., Krause, J., Willerslev, E., & Stone, A. C. (2021). Ancient DNA analysis. *Nature Reviews Methods Primers*, 1(14), 1-26. <https://doi.org/10.1038/s43586-020-00011-0>
- Parolin, 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. (2019). Genetic admixture patterns in Argentinian Patagonia. *PloS one*, 14(6), e0214830. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0214830>
- Rodríguez, A. L., Depino, E., & Canet, V. (2015). *Argentina indígena. Participación y diversidad, construyendo igualdad: Compilación legislativa* (S. Demicheli Calcagno, Ed.; 1.ª ed., Vol. 1). Dirección Nacional de Atención a Grupos en Situación de Vulnerabilidad, Secretaría de Derechos Humanos del Ministerio de Justicia y Derechos Humanos de la Nación. http://www.jus.gob.ar/media/2957543/argentina_indigena_web.pdf
- Somel, M., Altınışık, N. E., Özer, F., & Ávila-Arcos, M. del C. (2021). Collaborate equitably in ancient DNA research and beyond. *Nature*, 600(7887), 37-37. <https://doi.org/10.1038/d41586-021-03541-z>
- Tamburrini, C., Dahinten, S. L., Romero Saihueque, R. R., Ávila-Arcos, M. del C., & Parolin, M. L. (2023). Towards an ethical and legal framework in archaeogenomics: A local case in the Atlantic coast of central Patagonia. *American Journal of Biological Anthropology*, 182(2), 161-176. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24821>

- Tamburrini, C., de Saint Pierre, M., Bravi, C. M., Bailliet, G., Jurado Medina, L. S., Velázquez, I. F., Real, L. E., Holley, A., Tedeschi, C., Basso, N. G., & Parolin, M. L. (2021). Uniparental origins of the admixed Argentine Patagonia. *American Journal of Human Biology*, 34(4), 1-22. <https://doi.org/10.1002/ajhb.23682>
- Tsosie, K. S., Bader, A., Fox, K., Bolnick, D. A., Garrison, N. A., & Smith, R. (2021). Ancient-DNA researchers write their own rules. *Nature*, 600(7887), 37-37. <https://doi.org/10.1038/d41586-021-03542-y>
- Tsosie, K. S., Begay, R., Fox, K., & Garrison, N. (2020). Generations of genomes: Advances in paleogenomics technology and engagement for Indigenous people of the Americas. *Current Opinion in Genetics & Development*, 62, 91-96. <https://doi.org/10.1016/j.gde.2020.06.010>
- Tsosie, R. (2007). Cultural challenges to biotechnology: Native American genetic resources and the concept of cultural harm. *Journal of Law, Medicine & Ethics*, 35(3), 396-411. <https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2007.00163.x>
- Wagner, J. K., Colwell, C., Claw, K. G., Stone, A. C., Bolnick, D. A., Hawks, J., Brothers, K. B., & Nanibaa'A, G. (2020). Fostering responsible research on ancient DNA. *The American Journal of Human Genetics*, 107(2), 183-195. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2020.06.017>
- Wolinsky, H. (2019). Ancient DNA and contemporary politics: The analysis of ancient DNA challenges long-held beliefs about identity and history with potential for political abuse. *EMBO reports*, 20(12), 1-6. <https://doi.org/10.15252/embr.201949507>
- Yáñez, B., Fuentes, A., Silva, C. P., Figueiro, G., Menéndez, L. P., García-Deister, V., de la Fuente-Castro, C., González-Duarte, C., Tamburrini, C., & Argüelles, J. M. (2022). Pace and space in the practice of aDNA research: Concerns from the periphery. *American Journal of Biological Anthropology*, 180(3), 417-422. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24683>

Material suplementario

TALLER

PRIMER ENCUENTRO PARA EL INTERCAMBIO DE SABERES INTERCOMUNITARIOS: COMUNICACIÓN Y DISCUSIÓN DE LA ANCESTRÍA INDÍGENA EN LA PATAGONIA DESDE EL ADN

Modalidad híbrida presencial y virtual por Meet

Lugar: Centro Cultural por la Memoria de Trelew. Ruta Provincial N° 8, acceso Eduardo Luis Duhalde 9100

Fecha: Sábado 2 de julio de 2022

Hora estimada: de 10 a 16 hs

Para consultas e inscripciones escribir a derechoshumanos@chubut.gov.ar y completar el formulario en el siguiente link <https://forms.gle/8mr5WujFHcjsIRQMA>

El link al encuentro para aquellos que asistan de forma virtual será enviado a la casilla de correo registrado en el formulario el día viernes 1 de julio.

CRONOGRAMA TENTATIVO

10:00 a 10:40 Introducción por parte del Director de Asuntos Indígenas de Chubut: bienvenida y presentación de los asistentes

10:40 a 11:40 Presentación de las organizadoras y objetivos del taller. Introducción a las problemáticas éticas del trabajo genético.

11:40 a 12:15 Introducción al ADN, su herencia y autopercepción. Utilidad de la herramienta genética en la visibilización del componente originario en poblaciones urbanas de Patagonia.

12.15 a 13:00 Mesa de discusión sobre la presentación: dudas y preguntas

13:00 a 13:40 Intervalo para el almuerzo

13:40 a 14:30 Conversatorio por parte de las comunidades.

14:30 a 15:00 Linajes genéticos maternos ancestrales que persisten en el tiempo y en el espacio. Antecedentes de estudios en poblaciones antiguas y aspectos éticos de los trabajos en Patagonia. Nuevas perspectivas.

15:00 a 16:00 Mesa de discusión. Voces de los pueblos originarios: dudas e intercambio de pensamientos.

Encuesta de evaluación del taller y mejora para encuentros futuros.

Evaluación sobre el Taller PRIMER ENCUENTRO PARA EL INTERCAMBIO DE SABERES INTERCOMUNITARIOS: COMUNICACIÓN Y DISCUSIÓN DE LA ANCESTRÍA INDÍGENA EN LA PATAGONIA DESDE EL ADN

A través de estos talleres se busca compartir e intercambiar saberes, pareceres, experiencias e inquietudes relativas a la investigación genética que se viene llevando a cabo con el objetivo de fortalecer los lazos de interacción, comunicación y compromiso con las Comunidades Originarias de la provincia del Chubut. Inicialmente, el Taller es propuesto como de carácter anual, a llevarse a cabo durante los meses de junio y agosto de cada año. Sin embargo, la frecuencia del mismo quedará sujeta a lo acordado por la mayoría de los asistentes y será sometido a consenso en cada encuentro. Siendo conscientes que este encuentro es algo nuevo para ambas partes, esta primera edición del taller será abordada de forma preliminar para poder sentar las bases de los encuentros futuros. Asimismo, los diálogos y preguntas que vayan surgiendo a lo largo del encuentro nos permitirá comprender el papel y la importancia (o no) que tiene la investigación genética para las comunidades indígenas para poder construir propuestas conjuntas de trabajo.

Encuesta anónima de opinión sobre el desarrollo del taller preliminar

Mediante esta encuesta anónima se busca 1) conocer la opinión de los asistentes sobre este encuentro preliminar, 2) conocer la opinión de los asistentes respecto de las investigadoras y sus formas de exponer, 3) saber qué otros tópicos/temáticas agregarían en futuros encuentros del taller, 4) consenso la frecuencia de los encuentros y formas de difusión.

Es importante mencionar que las preguntas son orientativas y que cada sección tiene un lugar en blanco para que los asistentes puedan desarrollar libremente sus opiniones.

1. ¿Pertenece a una Comunidad Originaria?

Marca solo un óvalo.

Sí

No

PREGUNTAS SOBRE EL TALLER

Las siguientes preguntas están destinadas a conocer su opinión general sobre este primer Encuentro Taller.

2. ¿Cómo evaluaría esta primera edición del Taller? (pueden agregarse otras apreciaciones en la sección "otra")

Marca solo un óvalo.

- Interesante
 Poco interesante
 Nada interesante
 Otro: _____

3. ¿Qué tan claros fueron los objetivos del taller?

Marca solo un óvalo.

- Muy claros
 Claros
 No tan claros
 Nada claros

4. ¿Te parece relevante/importante que se desarrollen estudios genéticos? (pueden agregarse otras apreciaciones en la sección "Otra")

Marca solo un óvalo.

- Sí
 No
 Otro: _____

5. ¿Cree que los estudios genéticos puedan ser útiles?

Marca solo un óvalo.

- Sí
 No

6. En caso de haber respondido "SI" en la pregunta número 4 ¿En qué aspectos crees que puede ser útil la herramienta genética? (otras apreciaciones o comentarios pueden incluirse en la sección "Otra")

Marca solo un óvalo.

- Conocer o reconstruir historias familiares a través de la genealogía genética materna/paterna
 Contribuir al conocimiento que usted ya tiene sobre el pasado de sus ancestros
 Otro: _____

7. ¿Te parece apropiado que los encuentros se lleven a cabo una vez por año? Si no es así, ¿con qué frecuencia llevarías a cabo los encuentros?

Marca solo un óvalo.

- Una vez al año me parece adecuado
 Dos veces al año
 Otro: _____

PREGUNTA SOBRE LAS INSTRUCTORAS

Las siguientes preguntas están destinadas a conocer su opinión sobre las investigadoras. En cada sección se deja un espacio donde pueden hacer diferencia entre una y otra investigadora. Por ejemplo forma de hablar de Laura puede haberle resultado pertinente y no así la de Camila. Estas diferencias pueden agregarse en el espacio "Comentarios" .

8. ¿Qué tan clara fue la forma de hablar de las investigadoras en sus exposiciones?

Comentarios

Marca solo un óvalo.

- Muy clara
 Clara
 No tan clara
 Nada clara

9. ¿Qué tan bien respondieron las investigadoras a las preguntas/dudas/inquietudes de los presentes?

Comentarios

Marca solo un óvalo.

- Muy bien
 Bien
 Regular
 Nada bien

10. ¿Qué tan respetuosa fueron las investigadoras respecto de las diferencias de pensamiento de los presentes?

Comentarios

Marca solo un óvalo.

- Muy respetuosa
 Respetuosa
 Algo respetuosa
 Poco respetuosa

11. ¿Qué tan receptivas se mostraron las investigadoras a las sugerencias de los participante
Comentarios

Marca solo un óvalo.

- Muy receptivas
- Receptivas
- Poco receptivas
- Alguna de ella se mostró receptiva
- No se mostraron receptivas

PREGUNTAS ABIERTAS FINALES

La siguiente sección esta destinada a dar un espacio abierto donde cada participante pueda expresar comentarios o sugerencias respecto del taller.

12. ¿Hay algo más que te gustaría compartir con nosotros sobre el taller? Aca podés expresa libremente si te gustó el taller, qué te gustó, qué NO te gustó, qué cambiarías/ agregarías los futuros encuentros, etc.

13. ¿Cuál es el término más apropiado o con el que te sientes más cómodo?

En el ámbito académico hay una fuerte discusión sobre la forma de referirse a los pueblos originarios de diferentes partes del mundo. Creemos que es conveniente consultar con los referentes de las comunidades cómo se autoreconocen y con qué término se sienten más a gusto.

Marca solo un óvalo.

- Comunidad Indígena /Pueblo Indígena
- Comunidad Originaria /Pueblo Originario
- Comunidad Nativa /Pueblo Nativo
- Todas las anteriores
- Otro: _____

14. ¿Qué formas de difusión te parecen útiles para que les hagamos llegar los avances de las investigaciones?

Marca solo un óvalo.

- Diarios y medios radiales locales
- Encuentros presenciales y virtuales
- Otro: _____

Este contenido no ha sido creado ni aprobado por Google.

Google Formularios

Apéndice C: Resolución 281-2022 DDHH GCSG

Resumen: Resolución emitida por la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia del Chubut el día 12 de mayo del año 2022 en acuerdo a un trabajo de cooperación entablado en el marco de esta tesis



"Año de conmemoración del 40° Aniversario de la Gesta de Malvinas"

Provincia del Chubut. Rawson. 12 de mayo 2.022.

Sres. Directivos del Instituto de
Diversidad y Evolución Austral.
IDEaus - CONICET.

S / D

Ref: IX Aniversario de la Restitución de
Restos Humanos Arqueológicos
al Sitio Sagrado "Loma Torta".

De mi mayor consideración:

Por la presente detallo la minuta de las reuniones realizadas con la Lic. Camila Tamburrini y la Dra. María Laura Parolin, en el marco de mi contribución como miembro de la Comunidad Mapuche Tehuelche de la Provincia del Chubut en el artículo titulado tentativamente "Marco Ético y Legal en Arqueogenómica: caso local en la Costa Atlántica de la Patagonia Central" (en revisión de la revista American Journal of Human Genetics), así como en la elaboración de una propuesta de un encuentro Taller entre las Científicas y las Comunidades Originarias de la región a fin de realizar intercambio de conocimientos desde la Genética hasta los aportes culturales y cosmovisión de las Comunidades Mapuche Tehuelche de la región.

"Tómese como resolución de ambas iniciativas, la siguiente nota".

Primer encuentro: Miércoles 23 de marzo 2.022.

En dicho encuentro hemos conversado sobre diversas temáticas vinculadas a los avances, inquietudes y perspectivas de los trabajos Bioantropológicos que vienen desarrollando las Científicas del IDEaus - CONICET con especial enfoque en los análisis genéticos, los cuales se vienen desarrollando en poblaciones antiguas y urbanas que habitaron y habitan el actual territorio de la Provincia del Chubut.

Asimismo, fui invitado a participar como representante de Comunidades Mapuche Tehuelche de Chubut, en un Artículo Científico de carácter Ético sobre el trabajo conjunto que se viene desarrollando a nivel local a fin de poner en valor el esfuerzo bilateral de Científicos y Comunidades Originarias del noroeste de la Provincia de Chubut. El trabajo tiene como objetivo principal poner en relieve los aspectos "Legales y Éticos" que amparan al repositorio de restos arqueológicos humanos, ancestros de las comunidades que hoy en día habitan la Provincia. En segundo lugar se narra la experiencia de las relaciones Comunidades - Científicos desde la mirada de una científica, como desde



"Año de conmemoración del 40º Aniversario de la Gesta de Malvinas"

mi punto de vista, en carácter de miembro de la comunidad Mapuche Tehuelche y como miembro que participo activamente en la sanción de la Ley Provincial V N° 160. Por último, se desarrollan algunas inquietudes respecto a estudios genéticos en comunidades Originarias de varias partes del mundo y las investigadoras se comprometen a implementar algunos conceptos teóricos y prácticos para comenzar a trabajar en forma conjunta con una perspectiva crítica de las practicas científicas incorporando las consideraciones de las comunidades y poniendo, de esta forma, en evidencia que es posible comenzar a trabajar de manera mancomunada, bajo estrictas normas de respeto mutuo.

Por otro lado, en la reunión se propuso realizar un Taller Dinámico de Interacción Bidireccional, a fin de poner en Valor los Saberes Indígenas y Científicos, en pos de poder llevar adelante trabajo conjunto, siendo pioneros en este sentidos de trabajos Ciencia –Sociedad, sentando precedente a nivel Regional y Nacional. También se propone mediante estos encuentros, poner en valor y disposición de las Comunidades la información obtenida de los estudios genéticos, sentando bases de futuros acuerdos específicos para su divulgación académica y social.

Por último, se invitó a las investigadoras a participar de una ceremonia de nuestra Comunidad que conmemoraba el noveno Aniversario de la Restitución de Restos Humanos Arqueológicos al Sitio Sagrado "Loma Torta" a desarrollarse en el Gimnasio de la localidad de Gaiman el día sábado 16 de abril del corriente año.

Segundo encuentro: Miércoles 13 de abril 2022.

En esta segunda reunión se retoma los dos puntos tratados en reunión del día miércoles 23 de marzo y resuelvo:

1) Resolución sobre a ser coautor del Artículo Científico titulado "Marco Ético y Legal en Arqueología genómica. Caso local en la costa Atlántica de la Patagonia Central" (Ethical and legal framework in archaeogenomics: local case in the Atlantic coast of central Patagonia) a ser publicado en la revista American Journal of Human Genetics (título y revista tentativos).

Habiendo leído atentamente el artículo en cuestión que me han enviado las autoras para mi consideración, he decidido confirmarles mi aceptación como colaborador en el artículo (nota de aceptación adjunta). Por lo tanto en esta ocasión nos reunimos para conversar sobre el contenido del trabajo, los alcances y limitaciones, los aportes relevantes que podría realizar desde la cosmovisión indígena, como miembro del Pueblo Mapuche Tehuelche y desde nuestra experiencia de trabajo conjunto en el que he participado activamente junto al grupo de antropología y Arqueología del IDEAus - CONICET.



"Año de conmemoración del 40º Aniversario de la Gesta de Malvinas"

En relación al artículo y habiendo conversado sobre la seguridad y soberanía de los datos genómicos generados, surgió la propuesta de incorporar una Planilla de solicitud para la transferencia de datos hacia otros colegas que lo requieran con fines científicos. En dicha planilla se les pedirá a los solicitantes que especifiquen los objetivos para los cuales serán usados los datos y se les informara sobre la terminología a utilizar cuando se haga referencia a los mismos. Mediante la planilla los colegas se comprometen también, a no transferir los datos con terceros. Una vez completada la planilla, esta será elevada a la Dirección de Asuntos Indígenas de la Provincia del Chubut para que de su aval por escrito.

2) Resolución sobre la propuesta de realizar un taller de transferencia de conocimientos con especial enfoque en las ciencias genéticas y genómicas.

En el marco del taller mencionado en el primer encuentro con las investigadoras, nos comprometimos a llevar adelante el "Taller Bidireccional de Transferencia de Conocimientos" con enfoque en las ciencias genéticas y conocimientos indígenas entre los investigadores del IDEaus - CONICET y las Comunidades Originarias locales, con el deseo de sentar las bases para un "Trabajo Conjunto Basado en el Respeto y el Intercambio de Saberes". Acordamos que el taller será de carácter anual a desarrollarse entre los meses junio – agosto de cada año, y en particular para el corriente año, acordamos como fecha de encuentro el día 2 de julio en el Marco del Aniversario de la "Ratificación del Convenio 169 de la OIT sobre los Pueblos Indígenas y Tribales" sancionado en el año 2.001 y celebrado cada 3 de julio. Se propone como lugar tentativo de este primer encuentro, El Centro Cultural por La Memoria, ubicado en la ciudad de Trelew.

Con este enfoque mediante los Talleres, se propone presentar los avances de los trabajos en materia de Genética y Antropología, y mediante los cuales las investigadoras se pondrán a disposición para evacuar dudas, generar mesas de discusión, y a la vez contar con la perspectiva y cosmovisión de las Comunidades para mejorar la metodología, enfoque de trabajo y la transferencia de la información, así como diseñar de manera conjunta los objetivos que guiaran trabajos futuros en base a las inquietudes y requerimientos de las Comunidades.

A continuación, se detallan los objetivos consensuados del taller:

" TALLER "

Nombre: " Taller Bidireccional de Transferencia de Conocimientos con Enfoque en las Ciencias Genéticas y Saberes Indígenas en la Provincia del Chubut.



"Año de conmemoración del 40º Aniversario de la Gesta de Malvinas"

Carácter: Anual.

Fecha estimada: Junio - Agosto.

OBJETIVOS:

-Transparentar la labor científica de los estudios genéticos desarrollados en Restos Arqueológicos Humanos y poblaciones urbanas actuales (toma de muestras, cantidad, resguardo y protección del material arqueológico, ADN, y de la información generada).

-Incorporar las consideraciones culturales y éticas de las Comunidades en el trabajo Científico así como sus inquietudes y preocupaciones respecto de la labor que llevamos a cabo los investigadores en pos de poder llevar adelante trabajos conjuntos de manera sostenible.

-Poner a disposición de las Comunidades la información obtenida de los estudios genéticos, sentando bases para la creación de objetivos de forma conjunta que puedan cubrir necesidades o inquietudes específicas de las Comunidades en un marco Ético y Legal.

-Decidir de forma conjunta la mejor forma de transmitir los resultados de las investigaciones genéticas (presentaciones orales, textos escritos, etc.).

-Diseñar de forma conjunta el marco ético para el tratamiento, protección, resguardo y estudios del material arqueológicos, los datos genéticos generados a partir de estos.

-Sentar un precedente de trabajo conjunto con las Comunidades con el anhelo de iniciar la construcción de un camino de ciencia basada en el respeto que sea modelo a seguir a nivel Nacional.

-A fin de cumplir con los objetivos mencionados se generaran presentaciones orales, actividades culturales y mesas de debates. Los cronogramas específicos serán confeccionados antes de cada taller de acuerdo con las inquietudes y necesidades particulares de las partes implicadas.

Tercer encuentro sábado 16 de abril de 2.022.

Se llevó a cabo la Ceremonia del IX Aniversario de la Restitución de Restos Humanos Antiguos y Antepasados al Sitio Sagrado " Loma Torta " en la ciudad de Gaiman a la cual asistió la Dra. María Laura Parolin y la Lic. Camila Tamburrini, ambas del Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus – CONICET). Luego de la Ceremonia ambas investigadoras tuvieron la oportunidad de conversar con representantes de



"Año de conmemoración del 40º Aniversario de la Gesta de Malvinas"

las Comunidades regionales sobre las necesidades conjuntas y hubo un gran entusiasmo y una recepción positiva respecto del taller de carácter anual.

Sin otro particular, a total disposición y saludo a usted muy atentamente...

Ricardo Ruben Romero Saihueque
Director de Asuntos Indígenas - SDDHH
Ministerio de Gobierno y Justicia
Provincia del Chubut

Nota 281/ 2022 S DDHH

GCSG/

Apéndice D: Aval de bioética. Nota N° 04/17

Resumen: Aval de bioética emitido por el Comité de Bioética del Área programática Norte de la ciudad de Puerto Madryn el 10 de abril del año 2017 para la realización del proyecto enmarcado en la presente tesis doctoral.

Puerto Madryn, 10 de abril de 2017

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas Centro Nacional Patagónico	
ENTRO 10 ABR 2017	SALIO 30

Nota N°: 04/17

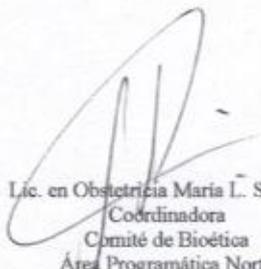
Dra. María Laura Parolin
IDEAus
CenPat/CONICET
S/D _____

Ref.: Informe Evaluación Proyecto Doctoral
Lic. Camila Tamburrini

De mi mayor consideración:

Tenemos el agrado de dirigirnos a Ud., en respuesta a la solicitud de análisis del Proyecto de investigación "Diversidad genética de muestras arqueológicas humanas del nordeste de la provincia de Chubut (Patagonia Argentina) durante el Holoceno (6000 a 200 AP)", presentado oportunamente, con la finalidad de brindar nuestro aporte desde el punto de vista Bioético. En el informe adjunto, hacemos entrega de la evaluación del Comité de Bioética de Área Programática Norte. En él mismo brindamos nuestro aval y realizamos recomendaciones pertinentes.

Saludos cordiales.


Lic. en Obstetricia María L. Sánchez
Coordinadora
Comité de Bioética
Área Programática Norte


Lic. en nutrición Claudia V. Espinosa
Secretaria
Comité de Bioética
Área Programática Norte

Informe Evaluación Proyecto Doctoral Lic. Camila Tamburrini

Como bien se señala en la nota de presentación del Proyecto, no se trata en este caso de trabajar con muestras hospitalarias, sino con muestras humanas de carácter arqueológico, que pertenecen a la colección del Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus/CenPat/CONICET), lo cual ha obligado a nuestro Comité de Bioética a realizar un proceso de análisis y contextualización diferente del que se realiza en los casos que habitualmente llegan para la consulta.

El resultado del mismo, que ha incluido establecer analogías con la mirada bioética sobre personas vivas, ha llevado a la conclusión de que los recaudos a tener en cuenta al trabajar con materiales de este tipo, pasan por dar satisfacción a tres tipos de requisitos:

- a) La manipulación pertinente de las muestras arqueológicas, entendida como el respeto de las normas de buena práctica profesional por parte de los investigadores.
- b) El visto bueno de las autoridades gubernamentales de competencia para llevar a cabo la investigación, en este caso el Ministerio de Cultura de la Provincia del Chubut.
- c) La autorización, en el marco de la Ley N° 25.517 y Decreto de Comunidades Indígenas N° 701/10, por parte de las comunidades originarias vinculadas a las muestras arqueológicas.

En el Proyecto Doctoral de la Lic. Tamburrini se encuentran contemplados estos tres aspectos mencionados. Este hecho, así como la explicitación de los objetivos y de la contribución que el estudio realizará respecto de la comprensión de la diversidad biológica y la dinámica poblacional de los grupos nativos patagónicos, permite a este Comité considerar que el mismo es de interés para la sociedad y que no vulnera los principios bioéticos que rigen nuestra labor. Por consiguiente, **brindamos el aval** para que la investigación se lleve a cabo.

No obstante lo expresado, nos permitimos efectuar algunas recomendaciones que resultan contextualizadoras de dicho aval.

Dejamos claramente expresado que el Comité de Bioética carece de la competencia necesaria para evaluar los aspectos vinculados al ítem a) de la enumeración precedente, por lo que no emitimos opinión sobre aspectos relacionados con el apartado Actividades y Metodología del Proyecto, entendiendo que las buenas prácticas en cuanto a manipulación de las muestras arqueológicas son responsabilidad de la doctoranda, sus directores de tesis y las autoridades de la institución.

Respecto del ítem b) de la citada enumeración, consideramos que la autorización del Ministerio de Cultura de la Provincia deberá ser requerida mediante el trámite correspondiente y acreditada a través de las certificaciones de rutina que formarán parte de la documentación del proceso.

Respecto del ítem c), y a riesgo de sobreabundar en consideraciones, pero teniendo en cuenta que el reconocimiento de los derechos de los pueblos originarios sobre su patrimonio cultural, y en especial, sobre los restos humanos de sus antepasados, comenzó a gestarse a nivel internacional a fines de la década de 1950, y desde entonces ha ido efectuando un recorrido lento y heterogéneo, signado por distintos hitos, tanto en el mundo como en nuestro país, hasta llegar recién en 2010 a la Ley N° 25.517 y el Decreto de Comunidades Indígenas N° 701/10; que el CONICET ha adherido al espíritu y la letra de las mencionadas normas, mediante el establecimiento de recaudos éticos y bioéticos para acceder a financiamiento de proyectos o aprobación de planes de trabajo, siendo algunos de estos recaudos la obligación de obtener el consentimiento libre e informado de los participantes en proyectos científicos, de respetar los restos humanos involucrados en las investigaciones y de no participar en trabajos que puedan afectar los derechos humanos reconocidos por los convenios internacionales y la Constitución Nacional; que si bien en los últimos años se han detectado cambios de actitud entre los arqueólogos, en el sentido de respetar las creencias ancestrales y de dar participación a las comunidades originarias, algunos estudios (Endere y Ayala; 2012) dan cuenta de que aún son pocos los investigadores que ofrecen abiertamente y por propia iniciativa oportunidades de participación a las comunidades con las cuales interactúan; nos parece oportuno consignar, desde la perspectiva bioética, las observaciones que siguen:

1. Así como en el caso de menores de edad o personas con incapacidad permanente o transitoria, son los padres, tutores o encargados quienes subrogan el derecho a la autonomía de dichas personas, las comunidades originarias vinculadas a los materiales arqueológicos, en términos generales, y, en términos individuales, los y las potenciales descendientes directos vivos, en el caso de que esta relación sea posible de establecer a partir de la datación de los enterratorios, su posterior estudio genético, o por cualquier otro medio científicamente aceptado, se convierten en sujetos activos y pasivos de los derechos y obligaciones de quienes son

sus ancestros y han dejado de ser personas vivas. Por consiguiente, es necesario obtener de los mismos el consentimiento previo, libre e informado, incorporando a la documentación del proceso de investigación el o los documentos que así lo acrediten. Agradeceremos el envío de copia del documento que lo plasme, con el doble fin de tener constancia del acuerdo obtenido, y para poder incorporarlo como modelo en nuestra propia práctica como Comité.

2. Corresponde mencionar que el consentimiento previo, libre e informado, implica que la comunidad y/o los potenciales descendientes cuenten con toda la información necesaria y suficiente para comprender la naturaleza de los estudios que se proyecta realizar; esto incluye la explicitación de los posibles beneficios o perjuicios que los mismos pueden generar para la comunidad originaria y la sociedad en general, a fin de que la primera pueda tomar una decisión. Más allá de las modalidades utilizadas para formalizarlo, es necesario entender que este consentimiento implica un proceso dinámico que debe continuarse mediante el diálogo y la negociación permanente entre las partes, así como la apertura a la participación de las comunidades y/o sujetos subrogantes, permitiendo el acceso al laboratorio, informándolos sobre los procedimientos de estudio y de los datos de procedencia de los materiales arqueológicos. Asimismo debe proporcionárseles información acerca de los resultados parciales y finales de la investigación de un modo comprensible. Por otra parte, desde la perspectiva bioética, cabe señalar que según Luna (2008) actualmente se brinda gran importancia a la situación de minorías, con poblaciones vulnerables, para las cuales el consentimiento informado es sólo el paso inicial de un proceso mucho más complejo y difícil. La misma autora expresa textualmente:

“El potencial participante debe tener la libertad para decidir si participar o no de la investigación. El proceso de obtención del consentimiento debe ser conducido evitándose cualquier tipo de presión, coerción o seducción. Este vínculo debe ser reafirmado durante toda la investigación.” (Luna; 2011)

El ofrecimiento de cualquier tipo de compensación por la participación en un proceso de investigación, lesiona la autonomía de los participantes que, pudiendo no estar inclinados a autorizarla, accedan a dicha autorización presionados por el beneficio económico propuesto.

3. Resulta importante, también, identificar posibles conflictos de intereses y procurar prevenirlos a través del diálogo horizontal y la negociación con las comunidades, a fin de llegar a decisiones consensuadas. Con tal objeto, se sugiere ser diligentes y respetuosos en relación a las peticiones que éstas efectúen, dejando constancia de los acuerdos y de los recaudos éticos sostenidos durante la investigación y consignándolos en las publicaciones resultantes de la misma.

4. Cabe señalar que la obtención del consentimiento previo, libre e informado, implica, además, hacer saber a los representantes de las comunidades originarias que tienen derecho a rehusarse a brindar su autorización o a revocarla en cualquier momento, sin necesidad de justificarse y sin exponerse a sanción alguna.
5. Especial importancia adquiere la recomendación de tomar todas las precauciones necesarias para proteger la privacidad y la confidencialidad de los datos genéticos humanos vinculados con materiales arqueológicos asociables a una persona, familia o grupo identificable, los cuales no deberán darse a conocer ni ser puestos a disposición de terceras personas, ya sea durante la investigación o en la etapa de divulgación de los resultados.
6. Finalmente, de evaluarlo como necesario, sugerimos considerar la participación de un *testigo independiente*, persona no vinculada al investigador ni a su equipo, que participa en el proceso de obtención del consentimiento previo, libre e informado, como garantía de que en él se respetan los derechos de las comunidades originarias y/o de los y las potenciales personas vivas vinculadas al patrimonio arqueológico en estudio, si fuera posible establecer un linaje común con las muestras.

Este Comité de Bioética queda a disposición para cualquier consulta o intercambio que se estime pertinente, y agradece poder tener acceso a los resultados de la investigación una vez concluida la misma, ya que tal posibilidad opera como muy valiosa instancia de capacitación interna.

Puerto Madryn, 6 de abril de 2017

BIBLIOGRAFÍA CONSULTADA

Endere, M. L. y Ayala, P (2012): "Normativa legal, recaudos éticos y práctica arqueológica. Un estudio comparativo de Argentina y Chile", en *Chungara, Revista de Antropología Chilena*, Volumen 44 N° 1, consultada en:

<http://www.scielo.cl/pdf/chungara/v44n1/arto4.pdf>

Luna, F y Salles, A (2008): *Bioética: nuevas reflexiones sobre debates clásicos*, Buenos Aires, Ed. Fondo de Cultura Económica.

Luna, F (2011): "Ética e investigaciones sociales en salud. Capítulo VI: Respeto por la autonomía de los participantes". En *Problemas de ética de la investigación. Clase 3*. Consultado en: <http://virtual.flacso.org.ar/>

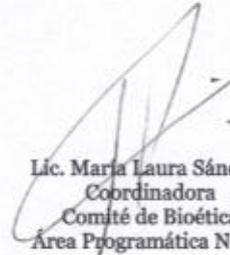
Ministerio de Salud de la Nación (2011): *Resolución N° 1480/2011. Guía para investigaciones con seres humanos*. Boletín Oficial del 13/09/2011, consultado en: <http://www.boletinoficial.gob.ar/>

Vázquez Parra, J C (2013): "Simuladores médicos: una elección racional y ética del manejo de cadáveres" en *Revista En-claves de pensamiento*, Volumen 7 N° 13, consultada en:

http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1870-879X2013000100005



Lic. Claudia Espinosa
Secretaria
Comité de Bioética
Área Programática Norte



Lic. María Laura Sánchez
Coordinadora
Comité de Bioética
Área Programática Norte

**Apéndice E: Autorización para el traslado de las piezas arqueológicas.
Subsecretaría de Cultura de la provincia del Chubut. Nota N° 35 2018/DI-SC MC/eb**

Resumen: Autorización para el traslado de las piezas arqueológicas por fuera del territorio provincial y nacional por la Subsecretaría de la provincia del Chubut. Nota emitida el 23 de marzo del 2018.



AUTORIZACIÓN TRASLADO DE PIEZAS ARQUEOLÓGICAS

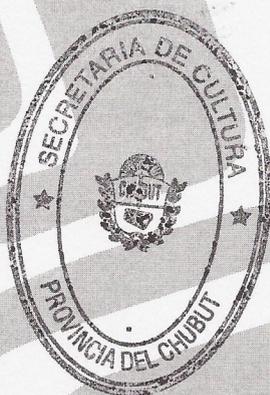
-----Por la presente se extiende autorización a la **Lic. Camila TAMBURRINI**, DNI **37.276.349**, **Pasaporte: AAC381030**, a trasladar ,en mano, restos arqueológicos al Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH) de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), ciudad de Querétaro, México.-----

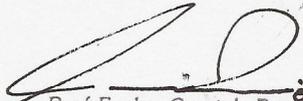
-----El objetivo principal del traslado es realizar por primera vez en la Argentina el análisis genómico de muestras arqueológicas pertenecientes a poblaciones humanas del pasado que habitaron en la actual provincia del Chubut hace 6000 a 200 años antes del presente; en el marco del proyecto de investigación doctoral denominado: "***Diversidad genética de muestras arqueológicas humanas del nordeste de la provincia del Chubut (Patagonia-Argentina) durante el Holoceno (6000-200 AP)***".-----

----- Las piezas son autorizado de acuerdo a la Ley XI N°11 de Ruinas y yacimientos Antropológicos, Arqueológicos y paleontológicos y su Decreto Reglamentario N° 3559/98. Se adjunta planilla descriptiva -----

-----Dicho traslado está programado para el día 14 de abril del corriente año, por transporte aéreo de la Empresa: Avianca Líneas Aéreas, Vuelo N° 964, N° de pasaje ETKT 1342481466260.-----

-----Se extiende la presente autorización ante las autoridades que lo requieran, a los veintitrés días del mes de marzo de 2018.-----




Prof Evelyn Graciela Berolza
Directora de Investigación
Secretaría de Cultura
Gobierno del Chubut

Nota N° 35 2018/ DI-SC

MC/eb



**TRÁMITE PARA PRÉSTAMOS Y TRASLADO DE MATERIAL
ARQUEOLÓGICO / ANTROPOLÓGICO Y/O
PALEONTOLOGICO**

Investigador Solicitante: María Laura Parolín

Institución: Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus CCT CONICET-CENPAT)

Domicilio Boulevard Brown 2915 Puerto Madryn - Chubut

Tel / Fax (0280) - 4883184 - 4883543 e-mail: parolin@cenpat-conicet.gob.ar

Fecha de Inicio del préstamo: Marzo - Abril 2018 Fecha finalización: _____

Proyecto de Investigación: DIVERSIDAD GENÉTICA DE MUESTRAS ARQUEOLÓGICAS HUMANAS DEL NORDESTE DE LA PROVINCIA DE CHUBUT (PATAGONIA ARGENTINA) DURANTE EL HOLOCENO (6000-200AP)

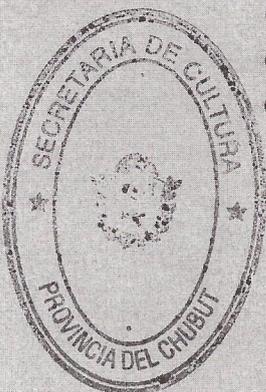
El beneficiario, mediante la firma de la presente, acepta cumplir con las siguientes condiciones:

- 1) A menos que se estipule lo contrario, el material deberá ser retornado en perfectas condiciones en un lapso de un (1) año, a partir de la fecha de este préstamo. El hecho de no recibir una nota de reclamo no constituye razón para retrasar el retorno del material.
- 2) Este préstamo no puede ser transferido en todo o en parte a ninguna otra Institución o investigador.
- 3) Investigador deberá proveer a la Secretaría de Cultura una (1) copia de cualquier trabajo de investigación que refiera, directa o indirectamente al material incluido en este préstamo, la misma deberá ser en castellano.
- 4) El material no podrá ser preparado o alterado de ningún modo, a menos que se estipule específicamente en la presente.
- 5) El material deberá ser devuelto correctamente embalado y enviado por correo certificado.
- 6) Tanto la Institución que provee el material como la que lo recibe, son responsables directos de la preservación de los materiales y del cumplimiento de los ítems precedentes.

Firma

Aclaración MARÍA LAURA PAROLÍN

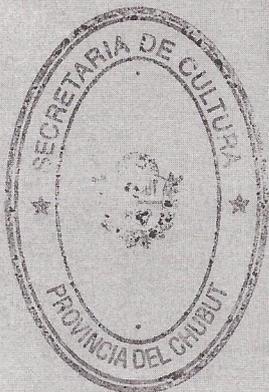
Colección / Investig.	Nº de Piezas	Descripción	Observaciones
CNP_ABI_003 / Parolín ML	2	Metatarsales	Hueso
CNP_ABI_033 / Parolín ML	2	Metatarsales	Hueso
CNP_ABI_064 / Parolín ML	1	Fragmento de femur derecho	Hueso
CNP_ABI_070-1 / Parolín ML	1	Fragmento de cráneo	Hueso
CNP_ABI_070-2 / Parolín ML	1	Fragmento de cráneo	Hueso



AUTORIZADO

Prof. Evelyn Graciela Beroiza
Directora de Investigación
Secretaría de Cultura
Gobierno del Chubut

CNP_ABI_070-A / Parolin ML	2	Dientes	Dientes
CNP_ABI_072 / Parolin ML	1	Fragmento de tibia	Hueso
CNP_ABI_080 / Parolin ML	1	Metatarsal	Hueso
CNP_ABI_089-10 / Parolin ML	1	Fragmento de hueso #17	Hueso
CNP_ABI_PF_14 / Parolin ML	3	Metatarsal, falange y diente	Hueso y diente
CNP_ABI_PF_21 / Parolin ML	3	Diente, metatarsal y falange	Hueso y diente
CNP_ABI_076 / Parolin ML	3	Dos metatarsales y una falange	Hueso
CNP_ABI_078-1 / Parolin ML	4	Metacarpal, falange y dos dientes	Hueso y diente
CNP_ABI_078-2 / Parolin ML	1	Hueso temporal	Hueso
CNP_ABI_069 / Parolin ML	1	Fragmento de tibia #1	Hueso
CNP_ABI_061 / Parolin ML	4	Diente y tres falanges	Hueso y diente
CNP_FJF_1 / Parolin ML	2	Dientes	Dientes
CNP_FJF_2 / Parolin ML	1	Clavícula izquierda	Hueso
CNP_FJF_3 / Parolin ML	2	Diente y fragmento de radio	Hueso y diente
CNP_FJF_4 / Parolin ML	1	Metatarsal	Hueso
CNP_FJF_5 / Parolin ML	2	Dientes	Dientes
CNP_FJF_6 / Parolin ML	1	Radio izquierdo	Hueso
CNP_ABI_090_A1 / Parolin ML	1	Diente	Diente
CNP_ABI_075 / Parolin ML	2	Falanges	Hueso
CNP_ABI_PF_19 / Parolin ML	1	Fragmento de radio izquierdo	Hueso
CNP_ABI_057-1 / Parolin ML	1	Fragmento de femur	Hueso
CNP_ABI_006 / Parolin ML	1	Diente	Diente
CNP_ABI_007 / Parolin ML	1	Hueso temporal	Hueso
CNP_ABI_021-S36 / Parolin ML	2	Dientes	Diente
CNP_ABI_021-S1 / Parolin ML	1	Diente	Diente
CNP_ABI_021-S2 / Parolin ML	1	Diente	Diente
CNP_ABI_021-S8 / Parolin ML	1	Hueso temporal	Hueso
CNP_ABI_021-S31+5 / Parolin ML	1	Hueso pars lateralis	Hueso
CNP_ABI_060-A1 / Parolin ML	2	Dientes	Dientes
CNP_ABI_060-A2 / Parolin ML	2	Dientes	Dientes
CNP_ABI_PF_011-C1 / Parolin ML	2	Dientes	Dientes
CNP_ABI_PF_011-D4 / Parolin ML	2	Dientes	Dientes
CNP_ABI_PF_011-D5 / Parolin ML	2	Dientes	Dientes
CNP_ABI_PF_011-D6 / Parolin ML	1	Hueso rama mandibular	Hueso
CNP_ABI_PF_011-D9 / Parolin ML	1	Hueso rama mandibular	Hueso
CNP_ABI_059-5 / Parolin ML	1	Fragmento de tibia	Hueso
CNP_ABI_059-6 / Parolin ML	1	Fragmento de cúbito	Hueso
CNP_ABI_059-1(2) / Parolin ML	1	Fragmento de hueso largo	Hueso



AUTORIZADO

Prof Evelyn Graciela Beroiza
 Directora de Investigación
 Secretaría de Cultura
 Gobierno del Chubut

Autorización para: Fotografiar () Realizar Moldes () Realizar Copias () Estudio (X) Exhibición ()
Otros: Se llevarán a cabo estudios moleculares en el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH), Universidad Nacional de México (UNAM), ciudad de Querétaro, México.
Observaciones: Las muestras son en carácter de Donación y se destruyen durante el estudio.

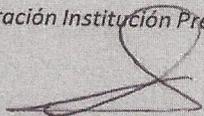
Fecha de traslado: Marzo – Abril 2018

Lugar de Origen: Puerto Madryn, Chubut.

Modalidad de traslado: Aéreo.

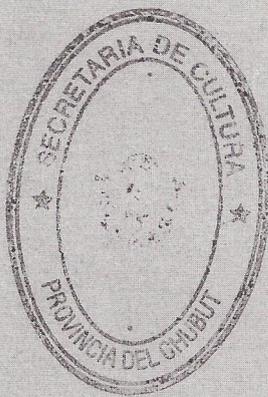
Empresa y/o Patente vehículo particular: ANDES / AEROLINEAS ARGENTINAS / AVIANCA.

Firma y aclaración Institución Prestadora

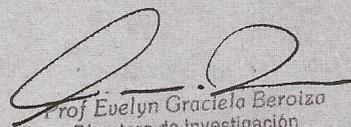


Dr. Néstor Guillermo Basso
Director IDEAus
Centro Nacional Patagónico

Dirección de Investigación
Secretaría de Cultura
Provincia del Chubut



AUTORIZADO



Prof. Evelyn Graciela Beroiza
Directora de Investigación
Secretaría de Cultura
Gobierno del Chubut

Apéndice F: Autorización emitida por el Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano (INAPL). Número DI-2018-15-APN-INAPL#MC

Resumen: Autorización para el traslado y destrucción definitiva de las piezas arqueológicas por fuera del territorio nacional con destino al Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH-UNAM, México) por la el INAPL. Nota emitida el 10 de abril del 2018.



República Argentina - Poder Ejecutivo Nacional
2018 - Año del Centenario de la Reforma Universitaria

Disposición

Número:

Referencia: EX-2018-12679716--APN-INAPL#MC-Parolin

VISTA la solicitud IF-2018-14603750-APN-INAPL#MC del EX-2018-12679716- -APN-INAPL#MC efectuada por la Dra. María Laura PAROLIN para la exportación definitiva a MEXICO de sesenta y nueve (69) muestras óseas y dentales humanas procedentes de sitios arqueológicos de la Provincia de Chubut, a fin de realizar análisis de ADN antiguo, y

CONSIDERANDO:

Que el análisis será efectuado en el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH), Universidad Nacional Autónoma de México, Santiago de Queretaro, Mexico

Que el envío y análisis de las muestras cuentan con la autorización de la Secretaría de Cultura de la Provincia de Chubut

Que el análisis de las muestras se encuentra enmarcado en el Proyecto “Diversidad genética de muestras arqueológicas humanas del nordeste de la provincia de Chubut (Patagonia Argentina) durante el holoceno (6000-200AP)”

Que las muestras serán transportadas a destino en avión por Lic. Camila Tamburrini, DNI 37.276.349, por la empresa AVIANCA (Numero de pasaje: ETKT 134 2481466260) con fecha de salida: 14/04/2018.

Que la presente se extiende en los términos de la Resolución General AFIP 3932/16 Anexo 1. Punto C. Casos particulares.

Que en virtud de lo establecido en los artículos 4º y 5º de la Ley Nacional Nº 25.743 sobre “Protección del Patrimonio Arqueológico y Paleontológico” y de los términos de la Resolución S.C. Nº 2272 de fecha 29 de julio de 2004, referente a exportaciones de bienes arqueológicos.

Por ello:

LA DIRECTORA

DEL INSTITUTO NACIONAL DE ANTROPOLOGÍA Y PENSAMIENTO

LATINOAMERICANO

DISPONE:

ARTÍCULO 1º.- Autorizar a la Dra. María Laura PAROLIN para la exportación definitiva a MEXICO de sesenta y nueve (69) muestras óseas y dentales humanas procedentes de sitios arqueológicos de la Provincia de Chubut, a fin de realizar análisis de ADN antiguo.-

ARTÍCULO 2º.- Autorizar a la Lic. Camila Tamburrini, DNI 37.276.349, a realizar el trámite de exportación y transporte de las muestras para ser analizadas en laboratorios extranjeros.-

ARTÍCULO 3º.- Regístrese, comuníquese a la interesada. Cumplido, archívese.-

Digitally signed by ACUÑA Maria Leonor Elena
Date: 2018.04.10 14:21:10 ART
Location: Ciudad Autónoma de Buenos Aires

Apéndice G: Autorización emitida por el Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET).

Resumen: Autorización para el traslado y destrucción definitiva de las piezas arqueológicas por fuera del IDEAus-CONICET emitida por el director del Instituto, el Dr. Néstor G. Basso

Puerto Madryn, 21 de marzo de 2018

A quien corresponda,

Por medio de la presente y en carácter de Director del Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus – CCT CONICET-CENPAT) dejo constancia que la Lic. Camila Tamburrini (D.N.I: 37.276.349, Pasaporte AAC381030) es becaria doctoral de nuestra Institución. La Lic. Tamburrini transporta material arqueológico perteneciente a la colección bioantropológica del IDEAus, en carácter de donación al Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH) de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), ciudad de Querétaro, México. El material arqueológico será transportado en mano por la Lic. Camila Tamburrini (vuelo N° 964 - Avianca Líneas Aéreas, n° de pasaje ETKT 134 2481466260. Pasaporte AAC381030) con fecha programada el 14 de abril del corriente año al LIIGH-UNAM, Bvd. Juriquilla 3001. Juriquilla, 76230 Santiago de Querétaro, QRO. México realizando en el trayecto una escala en Lima (Perú).

La donación se enmarca en el proyecto de investigación doctoral titulado *Diversidad genética de muestras arqueológicas humanas del nordeste de la provincia del Chubut (Patagonia argentina) durante el Holoceno (6000-200AP)* que la Lic. Tamburrini desarrolla en el IDEAus. Dicho proyecto tiene como objetivo principal realizar por primera vez en la Argentina el análisis genómico de muestras arqueológicas pertenecientes a poblaciones humanas del pasado que habitaron en la actual provincia del Chubut hace 6000 a 200 años antes del presente. En este marco, la donación de las muestras por parte del instituto tiene como objetivo contribuir, en un intercambio científico binacional, a la capacitación de la Lic. Tamburrini en el procesamiento de las muestras para la obtención de material genético mediante ensayos de laboratorio y en el análisis bioinformático de los resultados obtenidos a partir de las muestras donadas.

Se deja constancia que es de conocimiento del Instituto que, debido al tipo de procesamiento requerido, las muestras se destruyen durante su análisis. Asimismo, se deja constancia que las muestras transportadas NO IMPLICAN RIESGO BIOLÓGICO ALGUNO.

Se presenta este Aval para los fines que la demandante estime convenientes.

Saluda cordialmente,


Dr. Néstor G. Basso
Director .
Instituto de Diversidad y Evolución Austral
IDEAus (CENPAT - CONICET)

Apéndice H: Nota de recepción de las piezas arqueológicas por el LIIGH-UNAM (México)

Resumen: Aceptación de recepción de las muestras arqueológicas por parte del LIIGH-UNAM (México) a cargo de la Dra. María Ávila-Arcos.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LABORATORIO INTERNACIONAL DE INVESTIGACIÓN
SOBRE EL GENOMA HUMANO



Juriquilla, Querétaro a 20 de marzo de 2018
Asunto: Muestras arqueológicas

A quién corresponda,

Mediante la presente se deja constancia que el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH), de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), campus Querétaro, México, acepta recibir en carácter de DONACIÓN el material arqueológico procedente del Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus - Conicet) de Puerto Madryn, Argentina. Dicho material arqueológico está conformado por restos óseos procedentes de la Patagonia y forman parte de un proyecto de intercambio científico binacional México-Argentina. En el marco de este proyecto se realizarán estudios de ADN (ácido desoxirribonucleico) y se capacitará a la estudiante Camila Tamburrini, de nacionalidad argentina y número de pasaporte AAC381030 en el trabajo de laboratorio y en el análisis bioinformático de los datos genómicos.

Se presenta esta constancia a los fines de prestar nuestro aval para recibir en nuestro laboratorio el mencionado material arqueológico procedente desde Argentina. En caso de requerir información adicional por favor contactarse con el investigador responsable abajo firmante

Saluda cordialmente,

Dra. María del Carmen Ávila-Arcos

mavila@liigh.unam.mx

Investigadora Asociada "C"

Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano. UNAM

+52 1 55 2093 0244

+52 55 5623 4331 ext. 231

Apéndice I: Protocolos de extracción de ADN detallados

Resumen: Detalle de los protocolos de extracción de ADN de Dabney et al. (2013) y Rohland & Hofreiter (2007) modificados.

MODIFIED SILICA-IN-SOLUTION aDNA EXTRACTION PROTOCOL

This protocol is based on Rohland and Hofreiter's (2007) ancient DNA extraction protocol and has been optimised for about 200 mg of sample material (by Dra. Marcela Sandoval Velasco)

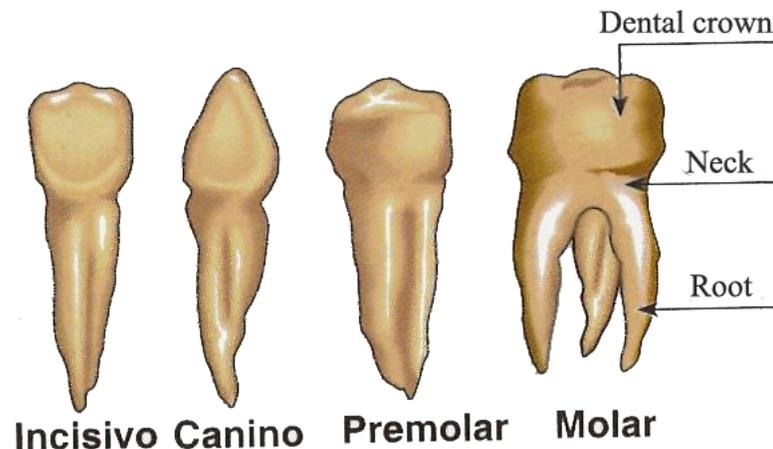
1. Teeth cleaning¹

- 1.1 Remove dirt from the surface of the sample with a tissue. Moisten the tissue with CI 5% (If the sample is porous use HPLC-grade water to avoid endogenous DNA degradation)
- 1.2 Clean the teeth surface with ethanol 70% to remove chloride remains.
- 1.3 Irradiate with UV for 40 sec from both sides (in case you have crosslinker, otherwise omit)

2. Cut off

- 2.1 Perform the cut using a Dremel². Cut off at the level of the neck to separate the root from the dental crowns.

*Note: To prevent overheating: drill with **low speed** and **to touch**. Put some pressure in the cut and do not leave the dremel too much time in the same place.*



¹ This step removes possible contamination introduced during excavation, storage or collection and prevent the introduction to inhibitors in the extraction procedure.

² Dremel 7700 w/batery

2.2 Once the tooth has been cut off:

- Restore the dental crowns to the collection.
- Wrap the root in aluminum foil.
- Using a hammer, hit 2-4 times the root to obtain small pieces of it. *Note: do not perform too many hits to prevent overheating.*

3. Weight record

3.1 Separate the root pieces in two 1.5mL Eppendorf **LowBind**³ tubes and record the sample ID, tube number, weight and date on both of them.

4. Prepare silica pellets

4.1 Mix 4.8 g of Silicon dioxide to 40 ml of sterile water in a 50 ml tube, vortex, and leave to settle for 1hr.

4.2 Transfer 39 ml to a new 50 ml tube and allow to sediment for another 4 hrs.

4.3 Remove and discard 35 ml and add 50 µl of 37% HCl to the sediment.

4.4 Make a series of 500 µl aliquots, wrap them in aluminum foil and store in the fridge for up to 4 weeks. One aliquot is enough for about 10 extractions.

Note: Store at -4°C

5. Digestion

*Note: Do not forget to include TWO C- (one for the **Predigestion** and other for the **Digestion**)*

5.1 **Predigestion (optional⁴)** - Add 1 ml extraction/ digestion buffer containing 0.45 M EDTA⁵, 1% TE Buffer⁶, 1% Proteinase K⁷ and 0.5% N- laurylsarcosine⁸ to the sample and incubate for 15 mins at 37°C.

Note: Preparation of 10% (w/v) N-laurylsarcosine = Weigh 1g of N-laurylsarcosine, place it in a falcon tube, and dissolve it in 10mL H2O. The girls use it at 1%, not at 0.5% as stated in the protocol. I used it at 1% like them.

 5.2 Spin sample for 1 min at 1000 g and transfer supernatant to a clean 1.5 Eppendorf LowBind tube. Storage for futures analyzes⁹. (We call this step predigestion and it is not mandatory)

³ To prevent DNA from adhering to the walls of the tube

⁴ We included this step

⁵ EDTA is to prevent DNA degradation by DNAsas

⁶ It is already prepared at 1X (100%) and calculates how much you need depending on how much buffer you are going to prepare. It is a pH buffering solution.

⁷ Degrades proteins.

⁸ Mild powder detergent

⁹ Storage for futures analyzes (such as pathogenic studies)

5.3 Add **4**¹⁰ ml of extraction/digestion buffer to sample and incubate in rotation at 37°C¹¹ overnight. *Note: make sure the pieces of teeth are moving in the tube during the rotation.*

Note: More proteinase K can be added, and longer incubation time can be allowed, especially for large fragments.

24 mL Digestion buffer preparation

21.6 mL of EDTA 0.5 pH 8

240 uL de TE 100%

1.2 mL de N-lauryl 10%

4.8 mL Proteinase K 5%

Note: Store PK at -20° C

Binding buffer

5M GuHCl

30% Isopropanol

0.1 M Na acetate (LIIGH: lo usan a 3M)

0.01 Na chloride

6. Isolation of nucleic acids

Turn off the oven and keep the doors of it open to cool it for step 6.4

6.1 Binding buffer preparation: To 500 PB buffer (bottle in the storage) add: 500µL phenol red, 2.5mL 5M NaCl, 9mL 5M Na Acetate. Adjust the **pH** to be between **4-4.5**¹² with ~2mL HCl 37%.

*Note: binding buffer*¹³ (composition: **5 M Gu-HCl, 30% isopropanol, 0.1 M Na acetate and 0.01 Na chloride**)

6.2 Labeled 50 ml falcon tubes and to each of them add: 40 ml binding buffer¹⁴ and 50 µl silica pellets (vortex y spin suave).

6.3 Spin sample digests for 2 min at 2000 g and transfer supernatant to their respective **50 ml falcon tubes**. Storage the remains of teeth for precaution.

6.4 Gently mix by inverting each falcon tube. Check pH = 4 (be precise!) and adjust if necessary, using 37% HCl (40/50 ul tandem. Do not add too much at once, if you go under 4 it damages the DNA). Nota: no tocar con el tip la solución para no levantar muestra.

6.5 Wrap the sample tubes in aluminum foil (not mandatory), and place them on a

¹⁰ As the LIIGH still don't have the required 5ml tube shirts for centrifugation, they use 1ml instead of 4ml in this step.

¹¹ This is the temperature at which Proteinase K acts. The range is wide, around 20-60°C, so if the oven temperature exceeds a bit (which usually happens), don't worry.

¹² Not lower than 4. If you acidify below 4, adjust with Sodium Hydroxide

¹³ This makes DNA attach the silica pellet.

rotor for 1/3 hour at room T^o (RT).

- 6.6 Spin the samples at 2000 g for 5 min and discard the supernatant.
- 6.7 Re-suspend the pellet in 1 ml 80% of **cold** EtOH¹⁵, spin at 2000 g for 2 min and discard the supernatant.
- 6.8 Re-suspend the pellet in 1 ml 80% cold EtOH AGAIN, transfer the mix to a fresh 1.5 ml Eppendorf tube.
- 6.9 Spin the sample at 10000 g for 2 mins, remove all EtOH and leave the silica pellets to dry for 15 min with open lids. *Note: remove all the remaining ethanol. If it didn't try to remove it with a tip or leave it dry for longer.*
- 6.10 Fully re-suspend the dried silica pellets in 60 ul EB buffer¹⁶ by soft hits in the lower part of the tubes with one finger. Try not to disperse the silica on the tube walls (Avoid re-suspend by pipetting so as not to not lose silica in the tip). Incubate at 37°C for 15 min (NOT IN ROTATION). Gently shake occasionally.
- 6.11 Spin the sample at full speed for 1 min and transfer the supernatant to a fresh 1.5 ml DNA LoBind Eppendorf tube label with "sample ID", "DNA" and "date"
Note: make sure to not pick up any of the silica. If you do, repeat the spinning step.
- 6.12 Perform the Qubit quantification before freezing the extractions. Keep at -4°C while doing the Master Mix quantification and labeling the tubes. **dsDNA high sensitive; Set output: ng/uL; Final sample volume: 1uL.**

Freeze aDNA extraction at - 20 °C in the ancient Lab.

¹⁵ Precipitates the DNA, leaving impurities in solution.

¹⁶ Separates the DNA from the silica.

MODIFIED DABNEY aDNA EXTRACTION PROTOCOL

1. Digestion (idem to SILICA IN SOLUTION protocol)

24 mL Digestion buffer preparation

21.6 mL of EDTA 0.5 pH 8

240 uL de TE 100%

1.2 mL de N-lauryl 10%

4.8 mL Proteinase K 5%

Note: store PK at -20° C

0.01 Na chloride

*Note: Do not forget to include TWO C- (one for the **Predigestion** and other for the **Digestion**)*

1.1 **Predigestion (optional¹)** – see Silica protocol.

1.3 Add 4² ml of extraction/digestion buffer to sample and incubate in rotation at 37°C³ overnight (**Use 2mL low bind tubes instead of 1.5 mL**). *Note: Make sure the pieces of teeth are moving in the tube during the rotation.*

Clean Zymo spin reservoir: 1) Remove the filter and discard it; 2) Immerse the funnels in 5% bleach; 3) Remove the bleach and immerse them in ethanol; 4) Allow them to dry completely on a paper towel (remove excess ethanol with a napkin, **ONLY TOUCHING THE REMAINING DROPS**); 5) Irradiate with UV for 3 minutes on both sides.

2. Spin down Digestions at 2,500g for 5 minutes.

3. In a 15 mL tube add 13 mL of Dabney's buffer and 1mL of the digestion supernatant. Mix by inversion or vortex (Note: in this case we used the option: Binding buffer which is the same as in the Silica in solution protocol).

*Binding buffer preparation: To 250 PB buffer (bottle in the storage) add: 250µL phenol red, 1.25 mL 5M NaCl, 4.5mL 5M Na Acetate. Adjust the **pH** to be between **4-4.5⁴** with ~1mL HCl 37%*

4. Fit a clean Zymo spin reservoir w/MinElute column in a falcon tube (50mL) – attach the MinElute column to the Zymo reservoir with parafilm- (save the lower tubes of the MinElute columns for later)

5. Transfer the solution of the 15mL tube to the Zymo spin reservoir attached in the falcon tube

(Alternative: Prepare the buffer and add it directly the 13 mL to the falcon tube containing the Zymo spin reservoir w/MinElute column. **Mix by pipetting about 10/15 times**.)

¹ We included this step.

² As the LIIGH still don't have the required 5ml tube shirts for centrifugation, they use 1ml instead of 4ml in this step.

³ This is the temperature at which Proteinase K acts. The range is wide, around 20-60°C, so if the oven temperature exceeds a bit (which usually happens), don't worry.

⁴ Not lower than 4. If you acidify below 4, adjust with Sodium Hydroxide

It is not recommended to do this alternative way.

Note: Make sure not to bring any sample remains because it will plug up the filter

6. Centrifuge the falcon tubes for 10 min at 720/800 rpm (if you used **parafilm to attach** the MinElute column to the Zymo reservoir) or 500 **rpm** (if you didn't).
7. Take the MinElute column, remove the parafilm and transfer it to the MiniElute lower tube (saved in step 3). If you didn't save it, used 2mL Eppendorf tubes (not 1.5mL)
8. Add 650-**720** ul of PE buffer and spin down at 13,000 rpm for 1 minute.
9. Discard waste and spin one more time at maximum speed for 1 minute.
10. Change the column to a new Eppendorf **1.5 mL** without lid.
11. Elute: Add 27 uL of EB buffer. Incubate 15 minutes at 37°C and spin down. Transfer the elute solution to a clean 1.5 mL Eppendorf tube labeled with: sampleID, date and "DNA"
12. REPEAT THE ELUTE STEP: Add 27 uL of EB buffer. Incubate 15 minutes at 37°C and spin down at maximum speed for 1 minute. Transfer the elution solution to the same 1.5 mL Eppendorf tube labeled.

Alternative: Instead of doing steps 11 and 12 you can perform only one Elution with 60 ul of EB buffer, Incubate 15 minutes at 37°C and spin down at maximum speed for 1 minute. It is recommended to do it separately to recover more DNA extract.

Apéndice J: Protocolos de biblioteca genómica detallado y modificado

Resumen: Detalle del protocolo de construcción de las bibliotecas genómicas de Meyer & Kircher (2010) modificado.

Library preparation and library qPCR

18 Sample + 2 DNA negative controls + 4 Library controls

Library Blunt end Master Mix (All reactive must be kept at -20°C)

	1 rx	18 rx
H ₂ O	12.5	225
NEBNext 10x End Repair Buffer	5	90
NEBNext End Repair Enzyme Mix	2.5	45
Total Volume (uL)	20	360

DO NOT FORGET THE LIBRARY CONTROL

For each sample add **20 uL** of Master Mix + **30 uL** of DNA extract in a PCR tube.

Note: for the Library control add **20 uL** of Master Mix + **30 uL of water**

- Mix by pipetting and vortex super briefly, spun down (= spin) to collect all liquid from the sides of the tube
- Incubate in a thermocycler for **20 mins at 12°C followed by 15 mins at 37°C**. *Note: In the thermocycler select: Open method and End-repair protocol (check final volume of reaction to be 50 uL)*
- Clean step: Transfer the 50 uL of the reaction from above to a 1.5mL Eppendorf tube¹. Add 5x buffer **PB = 250µL** and mix by pipetting. **Vortex and spin**.
- Purify in **MinElute column**: Transfer to COLD MinElute columns. Centrifuge a Max per 1min. Discard the content of the lower tube and put the column again on it. Add/ Wash **720 µL PE² (the protocol says 750 but it doesn't fit the tube)**. Spun down. Discard the content of the lower tube. Centrifuge step again: Max per 1min. Discard the content of the lower tube and put the column again on it. Break tubes caps³ of 1.5mL Eppendorf (labeled on their side), and put the column in it (discard the previous lower tube).
- Elute in **32 µL Elution Buffer** (WITHOUT touching the filter and ensuring that the drop falls in the middle). Incubate the column at @37°C for 15 minutes.

(Prepared the Adapter Ligation Master Mix-see below-, labeled PCR tubes)

¹ The reaction and PB can be put directly on the column tube but it might not mix so well

² For preparation add 220 mL ethanol (100%) to 55 mL of buffer PE.

³ This step is optional. When there are too many tubes, the caps bother in the incubation or centrifugation steps that's why we remove them.

Library Adapter Ligation Master Mix (All reactive must be kept at -20°C)

Vortex and Spin to: Buffer, enzyme and Master mix tube

	1 rx (uL)	18 rx (uL)
NEBNext 5x Quick Ligation Buffer	10	180
Quick T4 Ligase	5	90
Adapter Mix 2.5 uM	5	- add directly to the sample*
Blunt end DNA from reaction above	30	-
Total volume (uL)	50	270

*Spun down the samples at max per 1 min and add 5 uL of Adapter Mix 2.5 uM. Mix by pipetting.

*Important Note: put the Adapter Mix 2.5 uM directly to each Blunt end DNA and **NOT to the Master mix tube**: if you put it in the Master mix, they will start to attach to each other. The temperature of action is almost RT.*

In each labeled PCR tubes: Add 15 uL of Master Mix + 35 uL of (adapters + DNA with ends repaired from above).

- Mix by pipetting and vortex super briefly, spun down (=spin) to collect all liquid from the sides of the tube
- Incubate in a thermocycler for **20 mins at 20°C**.
- In **1.5mL Eppendorf tubes transfer the** reaction and mix it in 5x buffer **PB = 250µl. Vortex and spin**
- Transfer to the ***QiaQuick column (the ones that are at room temperature)*** and centrifuge a Max per 1min. Discard the content of the lower tube and put the column again in it. Add/ wash with **720 µL PE (the protocol says 750 but it doesn't fit the tube)**. Centrifuge again a Max per 1min. Discard the content of the lower tube and put the column again in it. Centrifuge again a Max per 1min. Break 1.5 Eppendorf tubes caps (label the tubes by their side) and put the columns in them (discard the previous lower tubes). Elute in **44 µL EB**. (WITHOUT touching the filter and ensuring that the drop falls in the middle). Incubate at @37°C for 15 mins

(At this point we can label the PCR tubes and prepare the Fill-in Master Mix)

Spun down at max per 1 min

Note: the Qiaquick columns retrieve fragment length >100bp. In this step we expect to get rid of the adapters that were not linked (~60-70 bp).

PREPARE Fill-in Buffer

118 uL Buffer *ThermoPol B9004S*

2 uL *dNTPs Mix (25 mM each)*

Note: Labeled as BST buffer (ThermoPol + dNTPs)

Library Fill-in Master Mix
(All reactive must be kept at -20°C)

	1 rx	18 rx
NEBNext adapter Fill-in action buffer (=BST buffer)	5	90
Bst DNA polymerase	3	54
DNA with ligated adapters from reaction above	42	--
dNTPs	<i>Ya estan en el buffer</i>	<i>Ya estan en el buffer</i>
Total volume	50 uL	144

For Samples add 8 uL of Master Mix in the PCR tubes + 44/42⁴ uL DNA with adapters from above. Soft vortex and spin.

- Incubate in a thermocycler for **20 mins at 65°C followed by 20 mins at 80°C** to inactivate the enzyme.
- Spun down at max per 1 min.
- Transferir a un nuevo tubo 1.5 Ependorff LowBind rotulado con: ID, Date and "Library"
- No Qiagen purification was conducted. Samples were frozen immediately.

Samples were frozen at -20°C immediately after incubation.

qPCR reaction

After library construction **qPCR** was performed.

qPCR was performed in order to estimate the number of cycles for the indexing of DNA libraries.

Notes: DO NOT FORGET TO INCLUDE A qPCR CONTROL.

MicroAmp PCR tubes must be used and **must be** labeled on their sides (see ¹)

Check that the primer and reactive tubes are defrosted.

Soft vortex and spin to each primer and reactive tube.

Master Mix for **19** reactions was set up as follows:

Component	per tube (µL)	Quantity (µL) MASTER MIX
KAPA SYBR FAST MIX	10	190
Fw primer (10 µM) PE.1.0 ⁵	0.4	7.6
Rv primer (10 µM) (Index 10) ⁶	0.4	7.6
ROX 50X (high)	0.4	7.6
H ₂ O	7.8	148.2
DNA Template	1 uL	-
Total volume	20 uL	361

Note: All reactive must be kept at -20°C

DO NOT FORGET TO INCLUDE A qPCR CONTROL.

⁴ In theory, there are 44 uL but often some remains in the column

⁵ It's always this one: it's the "Universal primer."

⁶ Use any index, but the same one for all samples. Here we don't use the index to differentiate samples.

19 µL of Master Mix + 1 µL of DNA library in a **MicroAmp PCR tube**⁷. Vortex and Spin

Note: For qPCR control add 19 UL MM + 1ul H₂O

Note: SYBRGreen and ROX are light sensitive, so do not expose them too much to the light: once the samples are added to the mix put the samples in an empty tip box or a plastic bag and cover the box or bag with aluminium foil. Keep it in the fridge at 4°C while preparing to exit the ancient lab. Once the reaction is prepared, don't wait too long before putting it in the qPCR machine; the SYBRGreen and ROX don't last long in solution.

Once the samples are in the *modern lab*, keep them at 4°C while the qPCR machine starts. Spin and annotate the spot where each sample is placed:

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A												
B												
C												
D												
E												
F												

Cycles:

Step	Temp	Duration	Cycles
Enzyme activation	95°C	10 min	1
Denaturation	95 °C	15 sec	1
Annealing/ Extension	60 °C	20 sec	40
Melting curve	95 °C	15 sec	1
	60 °C	1 min	1
	95 °C	15 sec	1

SAMPLES ARE PREPARED FOR INDEXING: See indexing protocol

⁷MicroAmp are specific PCR tubes for the qPCR reaction. The caps are translucent because the qPCR device reads the fluorescence from above so, label must be done by their sides, NOT on the cap

Apéndice K: Protocolos de indexado y limpieza detallados

Resumen: Detalle del protocolo de indexado y limpieza de bibliotecas genómicas de SPRiselect (Beckman Coulter, Inc) modificado y detallado.

Indexing PCR (iPCR)

Indexing PCR were performed using Phusion U Polymerase¹.
Different number of cycles for amplification, 8 uL of template.

Note: **PCR punto final tubes** must be used.

DO NOT forget to include one indexing PCR negative control (iPCR). This control will be amplified in the run with the major number of cycles.

Component	Per Tube (µL)	Master Mix (for 18 reactions) (µL)
Template	8	-
Forward primer PE 1.0	1	18
Reverse primer*	1	-
2x Phusion U Hot Master Mix	10	180
Total Volume	20	198

Add to each tube 11 µL of Master Mix + 8 µL of DNA library template + 1 µL of Reverse Primer (which contains the index sequence).

Note: For sample iPCR, water was added instead of “template”

Batch listed below:

*Samples and Reverse primers used

Sample	Reverse primer
...	Index ...
...	Index ...
...	Index ...
Blank (DNAext)	Index ...
DNALib	Index ...
iPCR	Index ...

PCR cycles (actualizado 09 2018)

Temp	Duration	Cycles
98°C	1 min	1
98 °C	10 sec	11-16*
72 °C	45 sec	
72°C	5 min	1
4 °C	Hold	1

* This must be change based on library qPCR results

Cycles per sample:

Sample	Cycles

Indexing PCR products were **purified using the Kit QIAQuick (QIAGEN)** according to manufacturer’s protocol (*Protocols folder: 1807-SPRIBeads_Limpieza_librerias_HAfrmx-for_dummies*). Purified aDNA libraries indexed were frozen at -20 °C.

Qubit SPRI Select library cleanup HAfrmx & quantification by Qubit

SPRISelect¹ indexed libraries purification HAfrmx: (carried out in the Investigation Modern Lab)

(This cleanup is carried out after the indexing PCR to remove primer dimers and select the desired fragment lengths.)

Label two 1.5 LowBind Eppendorf tubes per sample (**do not** use 2mL Eppendorf as the base is curve and the perls do not rise)

Spin the samples taken from the iPCR

Transfer the indexed library reactions (20 uL) from the iPCR to new labeled 1.5 Eppendorf tubes and bring them up to 50 uL by adding 30 uL of H₂O.

Note: The water should be at room temperature. Vortex and spin before use.

1. Vigorously shake the container of SPRI beads to fully resuspend them.
Add 60 µL of SPRIselect2 to each library tube (1.2X ratio).
2. Mix by pipetting² 10 times (gently to avoid generating bubbles) and incubate at room temperature (RT) for 1 minute.
3. Place the tube on the magnetic rack and allow the beads to "bind" to the magnet (1 or 2 minutes). Transfer the supernatant to their respective clean 1.5 mL LowBind Eppendorf tubes.³

Note: Be careful not to move the rack when opening the tubes or to touch the beads, as the desired DNA library is associated to them.

4. While the tube remains on the magnetic rack, add 180 µL of 85% ethanol ("fresh") directly to the bead pellet (1 tip per sample), incubate at room temperature for 30 seconds. Remove the supernatant and discard.

Note: Leave the caps open to evaporate the remaining ethanol. Ensure that there are no ethanol residues without allowing the bead pellet to dry out too much. Quickly add the EB from the next step.

Note: Be careful not to touch the beads, as the desired library is associated with them.

5. To elute the sample:
 - a) Remove the tube from the magnetic rack and add 35 µL of molecular grade H₂O or a standard solution (EB)⁴, changing tips.

¹ SPRIselect. REF: B23317. Beckman coulter: storage at room T° in the modern Investigation Lab

² It's preferable not to vortex because you'll need to spin and the beads will precipitate when you actually need them to interact with your solution.

³ This is a precautionary step. If no DNA is obtained, it means it didn't bind to the magnetic beads and therefore remains in the supernatant. Once confirmed by quantification that the expected DNA is present, these precautionary tubes are discarded.

⁴ Elution Buffer (EB) was used for storage at room temperature. EB separates the DNA from the beads.

Note: The elution volume should be high enough so that the liquid level is sufficiently high for the beads to bind to the magnet.

- b) Mix the total elution volume by pipetting 10 times (gently to avoid generating bubbles) to resuspend the beads and incubate for 1 minute at RT.
 - c) Place the tube on the magnetic rack and allow the SPRI beads to bind to the magnet.
6. Label new 1.5 mL LowBind Eppendorf tubes with: sampleID, iPCR cycle number, IndexID, and date, both on the lid and on one side.
 7. Transfer the eluate to a new tube (step 6) for storage, discard the tube with the beads.

Note: Ensure not to carry any beads when taking the supernatant because they are an inhibitor. It is easy to lift the beads while pipetting in this step, so proceed slowly. If beads are lifted, return the solution to the tube and allow the bead to reform magnetically.

Freeze purified aDNA libraries indexed at -4°C (if the samples are going to be used that or the next day) or -20°C (if samples need to be stored for more than 1 day).

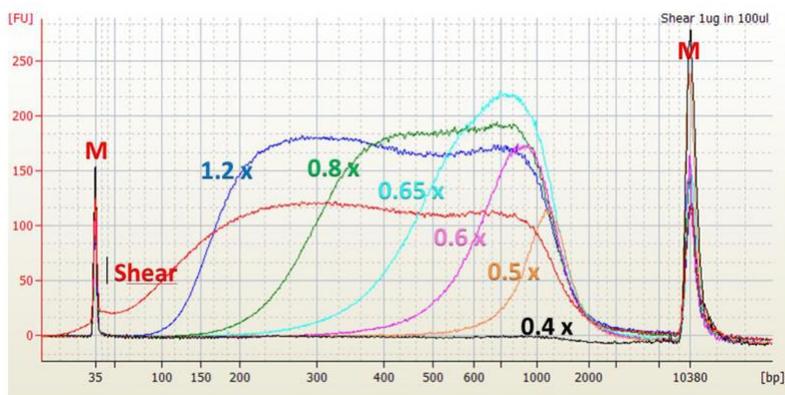


Figure 1. DNA Electropherogram. Cut on the left side with SPRIselect beads.

Concentration Measurement by Qubit⁵

The concentration of the samples was measured using Qubit and the following table was completed.

Note: In this Qubit, unlike the Qubit performed post-DNA extraction, the controls - may show some concentration due to primer dimers. However, their [] should be very low.

⁵ This is done after the cleanup to know the concentration of the library for the subsequent step - Bioanalyzer - as the BioAnalyzer gel requires a library concentration range between 1 - 2.5 ng/ μL . Beyond this concentration, dilutions are necessary.

iPCR Cycles	# Tube	Library	Index	Indexed library concentration. Qbit-without dilution (ng/uL)	Diluted at ... For BioAnalyzer *

*[] > 2.5 ng/uL => diluir para analizar con BioAnalyzer ⁸

Freeze purified aDNA libraries indexed at 20 °C

After measure of DNA concentration, 1 / μ L of each aDNA library indexed (1ng/uL, if necessary dilute) were analyzed using Agilent 2100 Bioanalyzer (BA) in order to know the fragment length of the sequences of each library as well as the molar concentration of DNA for each library.

Apéndice L: Particiones PartitionFinder v.2.1.1

Resumen: Esquema óptimo de particiones de la matriz mitogenómica (n = 155) identificada mediante el programa PartitionFinder v.2.1.1

Settings used

alignment : \230406-all_regions-MITOGENOMAS-HOMOG.phy
branchlengths : linked
models : GTR+I+G, GTR+G
model_selection : bic
search : rcluster
weights : rate = 1, base = 0, model = 0, alpha = 0
rcluster-percent : 10.0

Best partitioning scheme

Scheme Name : step_25
Scheme lnL : -25506.364745
Scheme BIC : 54568.3263166
Number of params : 366
Number of sites : 16560
Number of subsets : 5

Subset	Best Model	Subset Partitions	Subset Sites	Alignment
1	GTR+I+G	D-loop_1	1-576	\nanalysis\phylofiles\1679a76708e0331eb22a84257c4143a3.phy
2	GTR+I+G	ATP6, ATP8, CYTB, ND1, ND2, ND3, ND4, ND4L, ND5, ND6, tRNA_1, tRNA_16, tRNA_20, tRNA_22, tRNA_8	577-647, 3307-4262, 4401-4469, 4470-5511, 8270-8356, 8357-8563, 8564-9198, 10050-10395, 10461-10757, 10758-12128, 12198-12256, 12328-14139, 14140-14664, 14665-14733, 14734-15878	\nanalysis\phylofiles\fd07cadbc4054989a222d3dfed2884c8.phy
3	GTR+I+G	CO1, CO2, CO3, rRNA_2	648-1601, 5904-7445, 7586-8269, 9199-9981	\nanalysis\phylofiles\dc2c4d749dfe530e599f9f6c8c29efec.phy
4	GTR+G	rRNA_4, tRNA_10, tRNA_11, tRNA_12, tRNA_13, tRNA_14, tRNA_15, tRNA_17, tRNA_18, tRNA_19, tRNA_21, tRNA_23, tRNA_24, tRNA_3, tRNA_5, tRNA_6, tRNA_7, tRNA_9	1602-1670, 1671-3229, 3230-3306, 4263-4328, 4329-4400, 5512-5586, 5587-5655, 5656-5729, 5730-5826, 5827-5903, 7446-7516, 7517-7585, 9982-10049, 10396-10460, 12129-12197, 12257-12327, 15879-15944, 15945-16014	\nanalysis\phylofiles\714c14870d40654f25fb35c4f44804ec.phy
5	GTR+I+G	D-Loop_2	16015-16560	\nanalysis\phylofiles\86f3cc44b2b08e40b983aac701032d0d.phy

Scheme Description in PartitionFinder format

Scheme_step_25 = (D-loop_1) (ATP6, ATP8, CYTB, ND1, ND2, ND3, ND4, ND4L, ND5, ND6, tRNA_1, tRNA_16, tRNA_20, tRNA_22, tRNA_8) (CO1, CO2, CO3, rRNA_2) (rRNA_4, tRNA_10, tRNA_11, tRNA_12, tRNA_13, tRNA_14, tRNA_15, tRNA_17, tRNA_18, tRNA_19, tRNA_21, tRNA_23, tRNA_24, tRNA_3, tRNA_5, tRNA_6, tRNA_7, tRNA_9) (D-Loop_2);

RaxML-style partition definitions

DNA, p1 = 1-576

DNA, p2 = 577-647, 3307-4262, 4401-4469, 4470-5511, 8270-8356, 8357-8563, 8564-9198, 10050-10395, 10461-10757, 10758-12128, 12198-12256, 12328-14139, 14140-14664, 14665-14733, 14734-15878

DNA, p3 = 648-1601, 5904-7445, 7586-8269, 9199-9981

DNA, p4 = 1602-1670, 1671-3229, 3230-3306, 4263-4328, 4329-4400, 5512-5586,
5587-5655, 5656-5729, 5730-5826, 5827-5903, 7446-7516, 7517-7585, 9982-10049,
10396-10460, 12129-12197, 12257-12327, 15879-15944, 15945-16014
DNA, p5 = 16015-16560

ALIGNMENT FILE

alignment = 230406-all_regions-MITOGENOMAS-HOMOG.phy;

BRANCHLENGTHS: linked | unlinked

branchlengths = linked;

MODELS OF EVOLUTION for PartitionFinder: all | raxml | mrbayes | beast | <list>

##

for PartitionFinderProtein: all_protein | <list>

models = all;

MODEL SELECTION: AIC | AICc | BIC

model_selection = BIC;

DATA BLOCKS: see manual for how to define

[data_blocks]

D-loop_1 = 1 - 576;

tRNA_1 = 577 - 647;

rRNA_2 = 648 - 1601;

tRNA_3 = 1602 - 1670;

rRNA_4 = 1671 - 3229;

tRNA_5 = 3230 - 3306;

ND1 = 3307 - 4262;

tRNA_6 = 4263 - 4328;

tRNA_7 = 4329 - 4400;

tRNA_8 = 4401 - 4469;

ND2 = 4470 - 5511;

tRNA_9 = 5512 - 5586;

tRNA_10 = 5587 - 5655;

tRNA_11 = 5656 - 5729;

tRNA_12 = 5730 - 5826;

tRNA_13 = 5827 - 5903;

CO1 = 5904 - 7445;

tRNA_14 = 7446 - 7516;

tRNA_15 = 7517 - 7585;

CO2 = 7586 - 8269;

tRNA_16 = 8270 - 8356;

ATP8 = 8357 - 8563;

ATP6 = 8564 - 9198;

CO3 = 9199 - 9981;

tRNA_17 = 9982 - 10049;

ND3 = 10050 - 10395;

tRNA_18 = 10396 - 10460;

ND4L = 10461 - 10757;

ND4 = 10758 - 12128;

tRNA_19 = 12129 - 12197;

tRNA_20 = 12198 - 12256;

tRNA_21 = 12257 - 12327;

ND5 = 12328 - 14139;

```
ND6 = 14140 - 14664;  
tRNA_22 = 14665 - 14733;  
CYTB = 14734 - 15878;  
tRNA_23 = 15879 - 15944;  
tRNA_24 = 15945 - 16014;  
D-Loop_2 = 16015 - 16560;
```

```
## SCHEMES, search: all | greedy | rcluster | hcluster | user ##  
[schemes]  
search = rcluster;
```

```
#user schemes go here if search=user. See manual for how to define.#
```

Apéndice M: Comandos en lenguaje R

Resumen: Comandos en lenguaje R (script) utilizados para realizar los análisis de la presente tesis.

```
#####
#Script Tesis Tamburrini
#####
fas_mat <- "archivo.fas"
library(seqinr)
dat <- read.fasta(fas_mat)
trys <- combn(length(dat), 2)
m <- c()
for (i in 1:length(dat)) {
  y <- paste(dat[[i]], collapse = "")
  m <- rbind()
}

#####
#Mantel test entre distancias geneticas y edades#
#####
library(xlsx)
library(ape)
m1 <- read.FASTA(file.choose()) #cargar matriz de secuencias
m2 <- as.matrix(read.xlsx(file.choose(), sheetIndex = 1)) #cargar
matriz de edades
m2_2 <- matrix(ncol = ncol(m2), nrow = nrow(m2))

#acomodar elementos de las matrices en un mismo orden
for (i in 1:nrow(m2)) {
  idx <- which(names(m1) == m2[i,1])
  m2_2[idx,] = m2[i,]
}

#Seq_for_exp <- c()
#for (i in 1:nrow(m2)) {
#  idx <- which(names(m1) == m2[i,1])
#  Seq_for_exp <- c(Seq_for_exp, idx)
#}
#m_for_exp <- m1[Seq_for_exp]
#write.FASTA(m_for_exp, file.choose())

#calcular distancias entre elementos de cada matriz
d1 <- dist.dna(m1, model = "TN93", gamma = 0.424, as.matrix = T) #
all_reg
d1 <- dist.dna(m1, model = "TN93", gamma = 2.026e-2, as.matrix = T)
#pat_cent
d2 <- as.matrix(dist(m2_2[,2], diag = T, upper = T))
#Aplicar Test
mantel.test(d1, d2, nperm = 10000, graph = TRUE,
            main = "Mantel test",
            xlab = "z-statistic", ylab = "Density",
            sub = "The vertical line shows the observed z-
statistic")
#Exportar matrices de distancias
write.xlsx(d1, file.choose())
write.xlsx(d2, file.choose())

#####
```

```

#Test exacto de Fisher#
#####
library(ape)
library(xlsx)
library(adeigenet)
library(genepop)
f <- file.choose()
d <- as.matrix(read.xlsx(f, sheetIndex = 1)) #caragar excel de test
fisher
n <- unique(d[,1])
rownames(d) <- d[,1]
d <- d[,-1]
M <- c()
for (i in 1:length(n)) {
  idx <- which(rownames(d) == n[i])
  m = 0
  show(idx)
  for (j in idx) {
    m <- m+as.numeric(d[j,])
  }
  M <- rbind(M,m)
}
colnames(M) <- colnames(d)
rownames(M) <- n

idx <- c()
for (i in 1:ncol(M)) {
  if(sum(M[,i]) == 0) idx <- c(idx, i)
}
M <- M[,-idx]

fisher.test(M, hybrid = T, simulate.p.value = T)
chisq.test(M, simulate.p.value = T, B= 5000)
#####
#PhiST dist#
#####

library(haplotypes)
library(xlsx)
library(lattice)
seq_mat <- read.fas(file.choose())
pob_mat <- read.xlsx(file.choose(), sheetIndex = 1)
pst <- pairPhiST(seq_mat, pob_mat$Region, nperm=1000)
levelplot(pst$PhiST,col.regions=heat.colors(100)) #o sino plotear el
valor p con pst$p
write.xlsx(pst, file.choose())
#####
#BSKL plot all reg
#####
library(scales)
x <- read.table(file.choose,header = T, sep = "\t", skip = 1)
plot(x$Time,rev(x$Median),"l", col= "gray", ylim = c(min(x$Lower),
max(x$Upper)), lwd=2,
      xlab= "Tiempo (Miles de años)", ylab= "Tamaño pob. efectivo",

```

```

xaxt='n', yaxt='n')
polygon(c(x$Time, rev(x$Time)), c(rev(x$Lower), x$Upper), col =
alpha("light green",0.4), border = NA)

a <- seq(0, max(x$Time)+(max(x$Time)*0.1), by=2000)
b <- seq(0,max(x$Upper), by=20000)
Axis(side=1, labels= sort(a, decreasing = T), at= a)
Axis(side=2, labels= b, at= b)

x <- read.table("datos_BSLP.txt",
                header = T, sep = "\t", skip = 1)
plot(x$Time,rev(x$Median),"l", col= "gray", ylim = c(min(x$Lower),
max(x$Upper)), lwd=2,
      xlab= "Tiempo (Miles de años)", ylab= "Tamaño pob. efectivo",
xaxt='n', yaxt='n')
polygon(c(x$Time, rev(x$Time)), c(rev(x$Lower), x$Upper), col =
alpha("orange",0.4), border = NA)

a <- seq(0, max(x$Time)+(max(x$Time)*0.1), by=2000)
b <- seq(0,max(x$Upper), by=20000)
Axis(side=1, labels= sort(a, decreasing = T), at= a)
Axis(side=2, labels= b, at= b)

```

Apéndice N: Comparación de la longitud de fragmentos

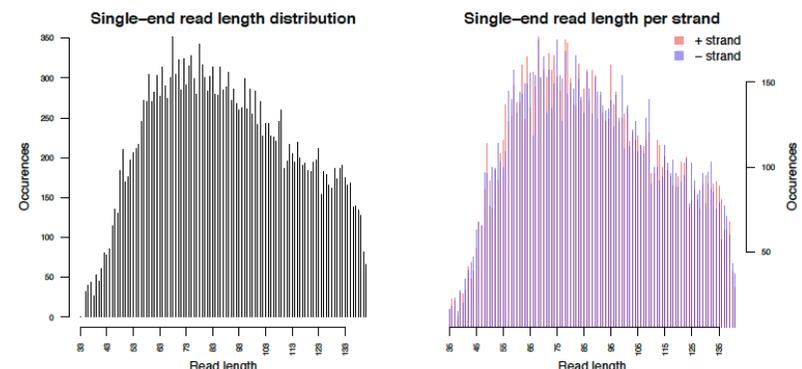
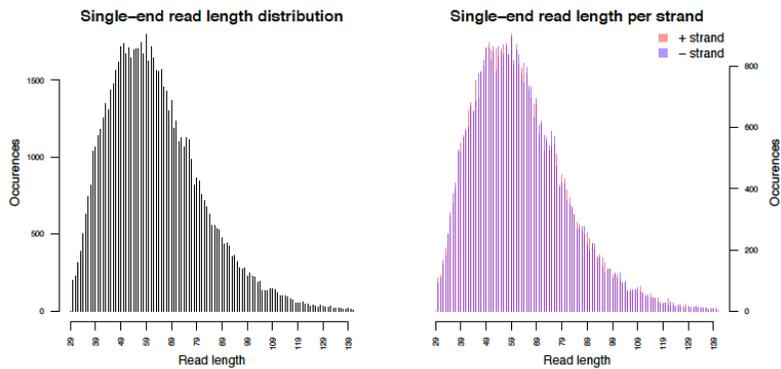
Resumen: Comparación de la longitud de fragmentos recuperados por diferentes protocolos de extracción.

Comparación de la longitud de fragmentos (Read length, eje X) medido en pares de bases recuperado según el método de extracción utilizado: Dabney et al. 2013 (izquierda) y Rohland & Hofreiter 2007 (derecha) para una misma muestra. El eje Y (occurrence) corresponde a la frecuencia observada para los largos de fragmentos.

Muestra A05

Biblioteca ID: MA1DC1SS21. Método de extracción: Dabney et al (2013)

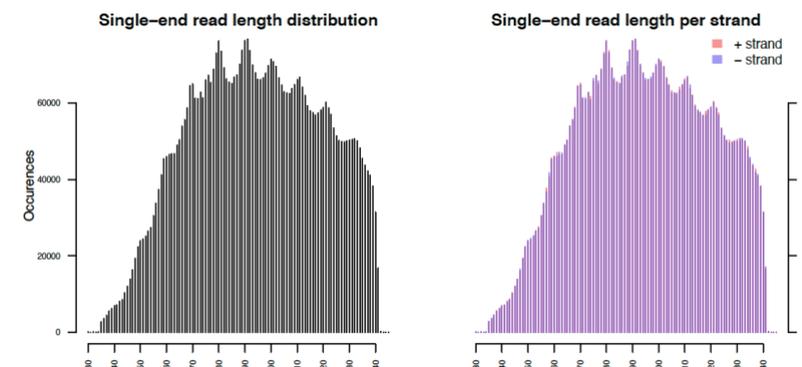
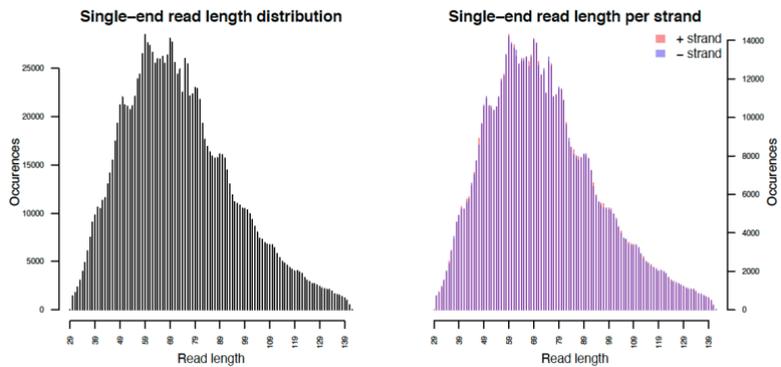
Biblioteca ID: MA1XC1SS24 . Método de extracción: Rohland & Hofreiter (2007)



Muestra C17

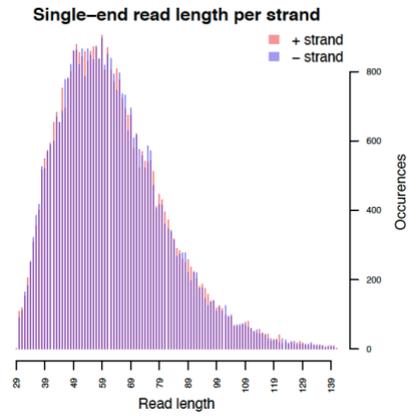
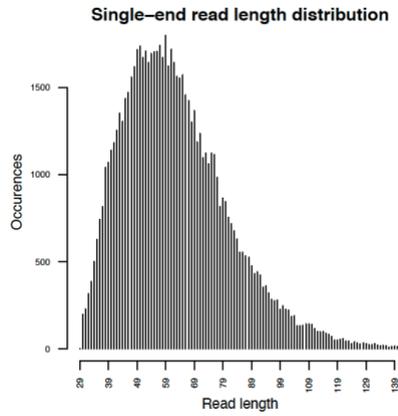
Biblioteca ID: MA1DC1SS23. Método de extracción: Dabney et al (2013)

Biblioteca ID: MA1XC1SS28 . Método de extracción: Rohland & Hofreiter (2007)

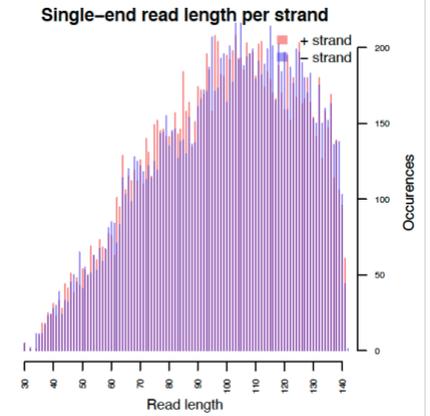
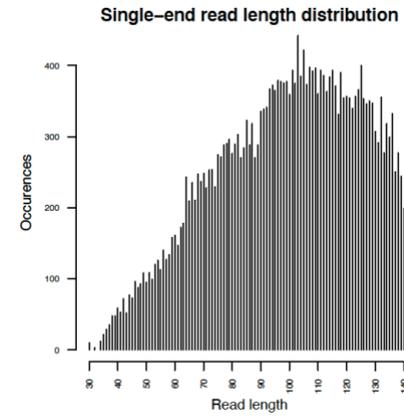


Muestra D26

Biblioteca ID: MA1DC1SS22. Método de extracción: Dabney et al (2013)



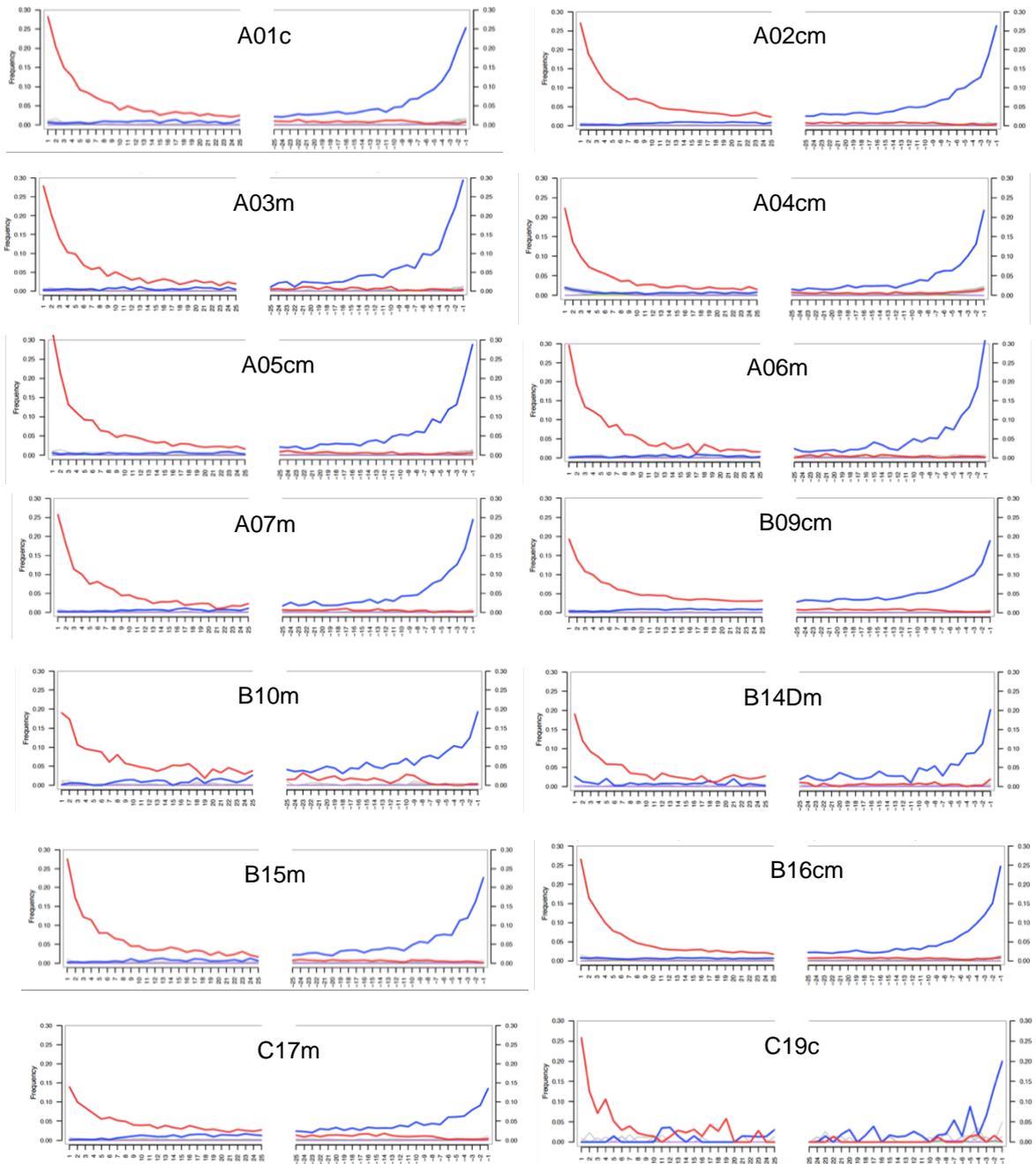
Biblioteca ID: LP1PG3SS34. Método de extracción: Rohland & Hofreiter (2007)

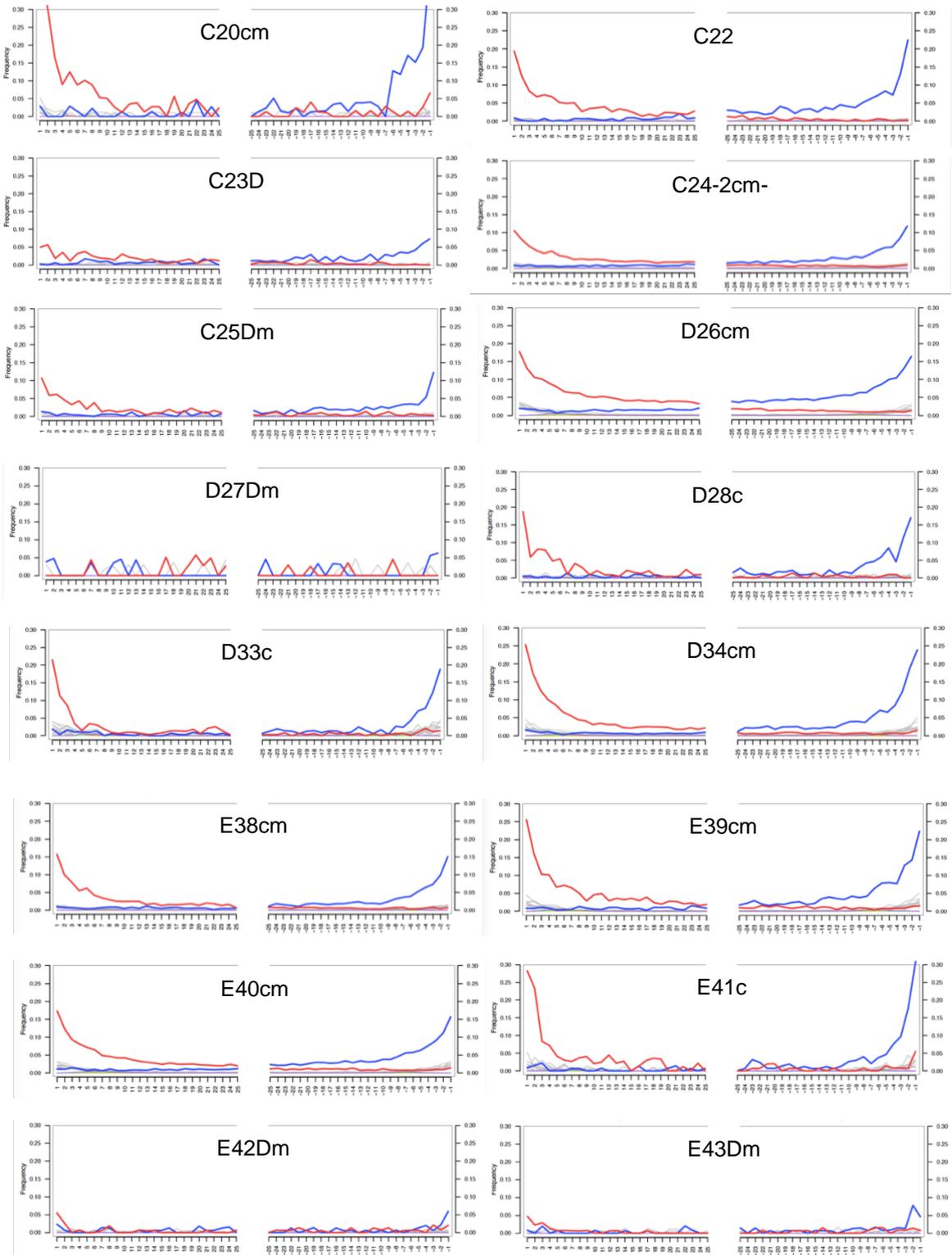


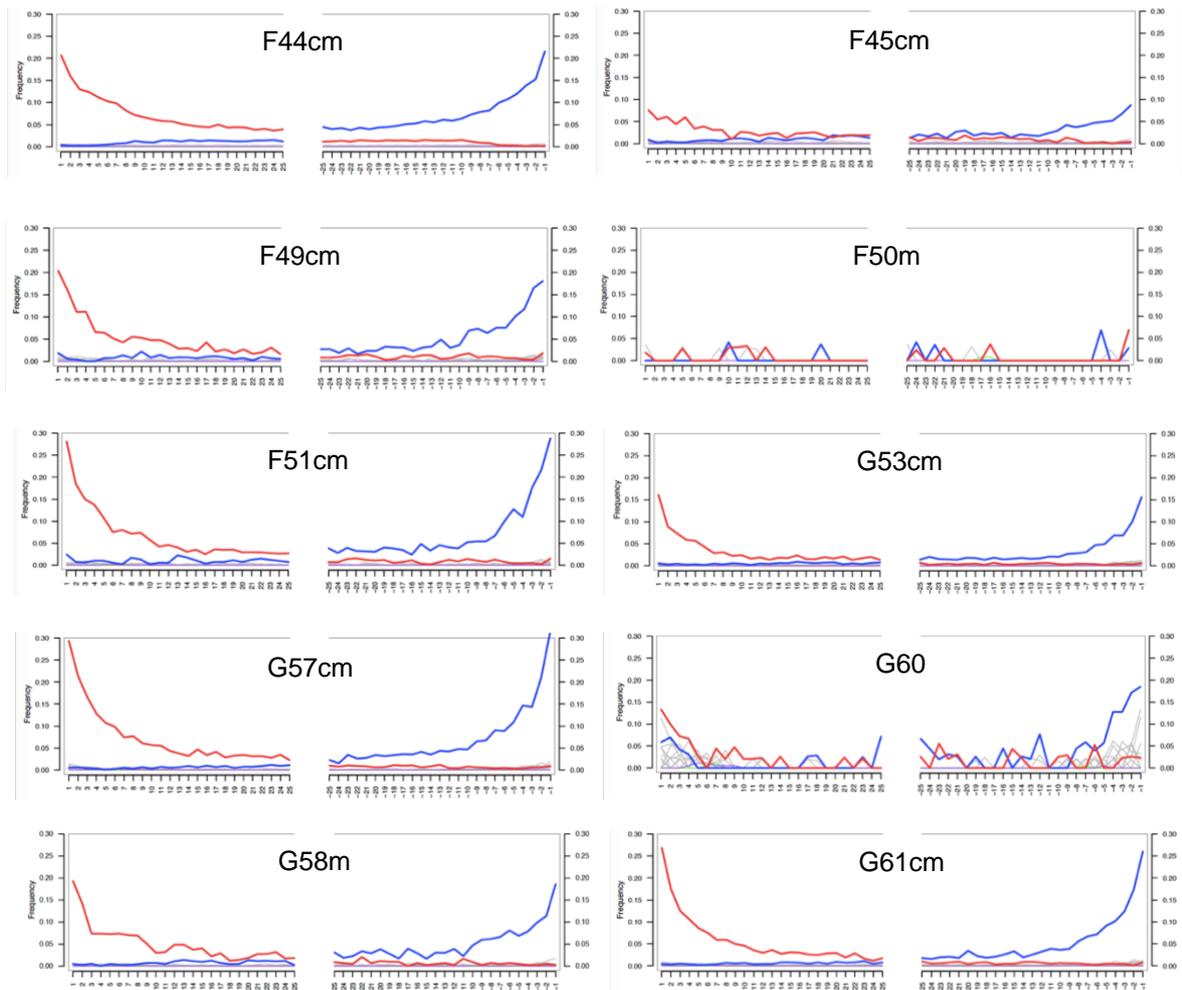
Apéndice Ñ: Patrones de daño

Resumen: Se presentan los gráficos de patrones de daños obtenidos por medio del programa MapDamage v2.0 (Jónsson et al., 2013) para las muestras procesadas en esta tesis.

Patrón de daño característico de ADN antiguo obtenido para cada muestra una vez unidos los fragmentos obtenidos en diferentes corridas de secuenciación. Cada gráfico muestra la frecuencia de sustituciones nucleotídicas (eje Y) para las primeras 25 bases (eje X) de los extremos 5' (izquierda) y 3' (derecha) para cada muestra. La línea de color rojo representa las sustituciones C por T, la azul G por A. En gris se representan todas las restantes sustituciones y en violeta las inserciones relativas a la referencia.







Las muestras C18, D32, F46, F52D, G54D, G55, G56, G59, H63 y H64 no presentaron plot de largo de fragmentos debido a que no se recuperaron la cantidad de reads suficiente para la estimación mediante el software MapDamage v2.0 (Jónsson et al., 2013)

Apéndice O: Redes de haplotipos

Resumen: Se presentan las redes de haplotipos construidas a partir de mitogenomas completos para los clados de interés para esta tesis (B2, C1b, C1c y D1g).

Clado C1b

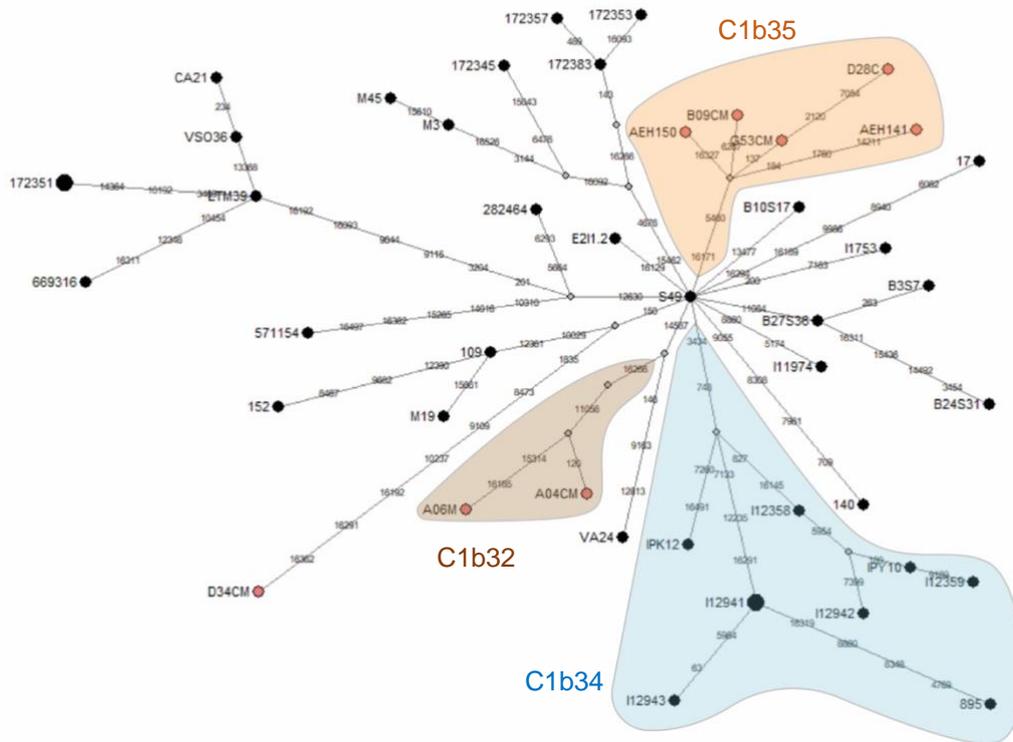


Figura O2: Red de haplotipos construida a partir de 44 mitogenomas y 40 haplotipos diferentes de individuos contemporáneos y ancestrales asignados al clado C1b o a algunos de sus subhaplogrupos y listados en la Tabla S4.

Clado D1g

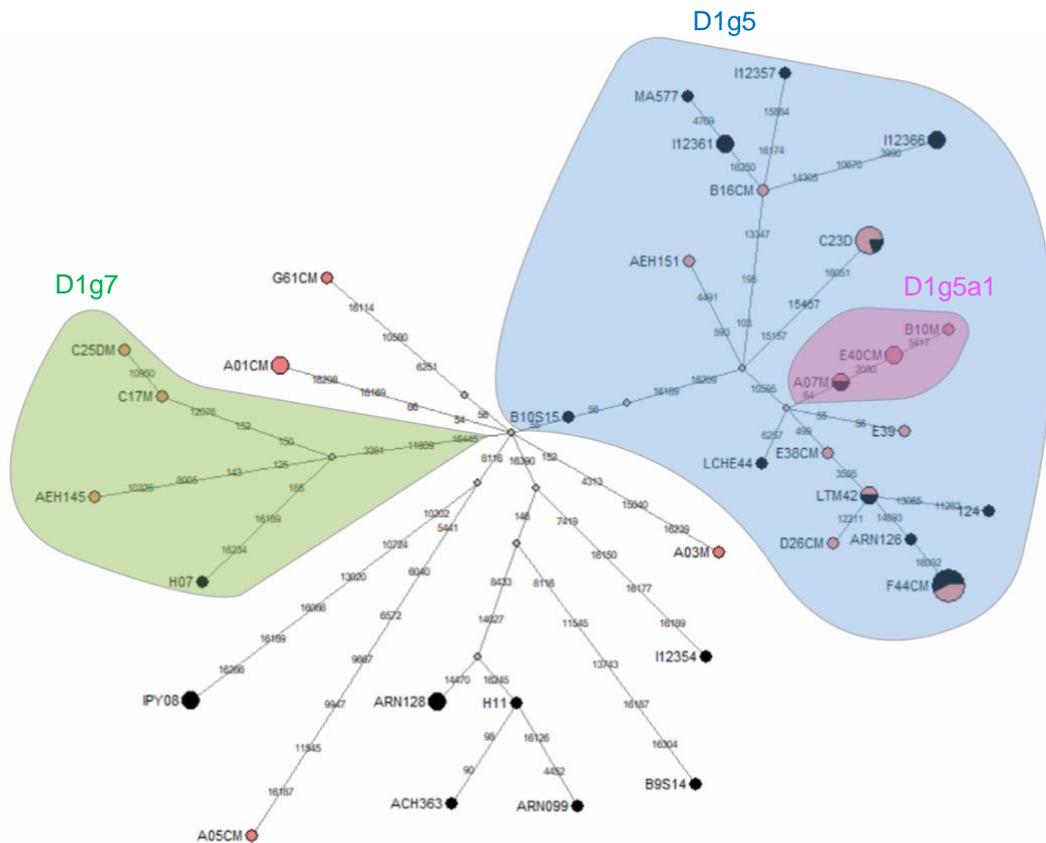


Figura O1: Red de haplotipos construida a partir de 51 mitogenomas y 32 haplotipos diferentes de individuos contemporáneos y ancestrales listados en la Tabla S4 y asignados al clado D1g o a alguno de sus sub-haplogrupos

Apéndice P: Árboles filogenéticos y tiempos de coalescencia calculados con BEAST

Resumen: Se presentan los árboles filogenéticos construidos por el método de Máxima Verosimilitud usando el programa RaxML y los tiempos de coalescencia estimados por BEAST 2

Árboles filogenéticos y tiempos de coalescencia construidos con BEAST v2.7.4 (Bouckaert et al., 2019)

Tabla P1: Tiempos de coalescencia estimados (media) para los clados de interés para esta tesis.

Clado	N	Tiempo estimado (miles de años)	intervalo 95% HPD
B2b15	4	6668.06	[4550.78,8780.95]
B2b16	5	7557.29	[6406.55,8747.59]
B2b16a	4	3830.64	[2639.14,5173.5]
B2ak	18	7011.54	[5314.73,8804.96]
B2ak1	17	5777.94	[4580.19,7111.97]
B2ak1a	7	3665.71	[2739.15,4717.51]
B2ak1b	5	3591.38	[2576.14,4768.81]
B2ak1b1	3	2098.56	[1400.04,2968.66]
B2ak1b2	2	2679.2	[2400,3227.18]
D1g	52	10153.31	[8501.67,12188.22]
D1u	2	8757.65	[7554.76,10107.18]
D1g7	4	4779.91	[3026.78,6582.56]
D1g7a	2	1399.31	[1989.58,5597.37]
D1g1	8	5038.9	[2507.46,7663.28]
D1g5	33	5781.65	[4280.73,7221.1]
D1g5a	20	3834.21	[2583.92,5162.4]
D1g5a1	6	2909.75	[1898.96,4073.05]
D1g5a1a	3	1350.07	[882.42,1952.18]
D1g5a2	13	2537.16	[1553.69,3653.69]
D1g5a2a	12	1998.36	[1227.13,2850.18]
D1g5b	7	3028.59	[2123.56,4064.91]
D1g5b1	3	1363.31	[819.94,2088.63]
C1b	43	10947.39	[9996.24,12089.54]
C1b33	2	3021.45	[1575.73,4704.51]
C1b34	9	6013.04	[4038.94,8369.4]
C1b34a	4	2757.01	[1975.16,3834.9]
C1b34b	4	2523.73	[1360.29,3867.78]
C1b35	5	7582.73	[6452.46,8866.68]
C1b36	3	8916.92	[8031.95,9944.69]
C1c	20	9533.35	[8289.62,10886.31]
C1c11	12	8742.73	[7866.27,9649.99]
C1c11g	4	6317.76	[4580.41,8105.92]
C1c11g1	3	4118.45	[2902.84,5485.09]
C1c11g1a	2	2888.87	[2311.46,3681.25]
C1c11i	2	4170.89	[2361.18,6164.09]

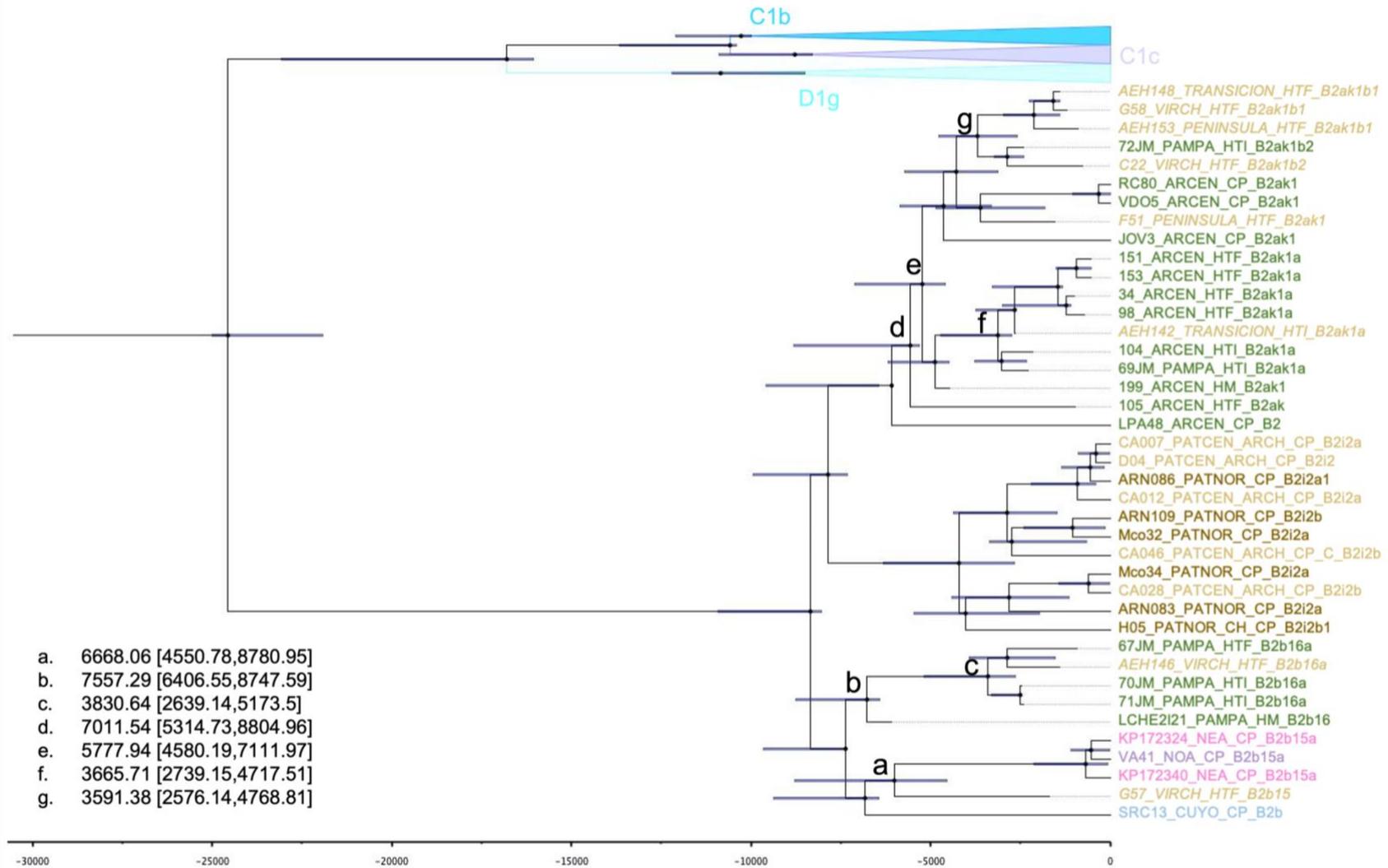


Figura P1: Árbol filogenético restringido al clado B2 y los tiempos de coalescencia de los clados de interés. El tiempo está medido en miles de años antes del presente. La coloración de cada individuo corresponde a una región geográfica especificada en la Figura 1.

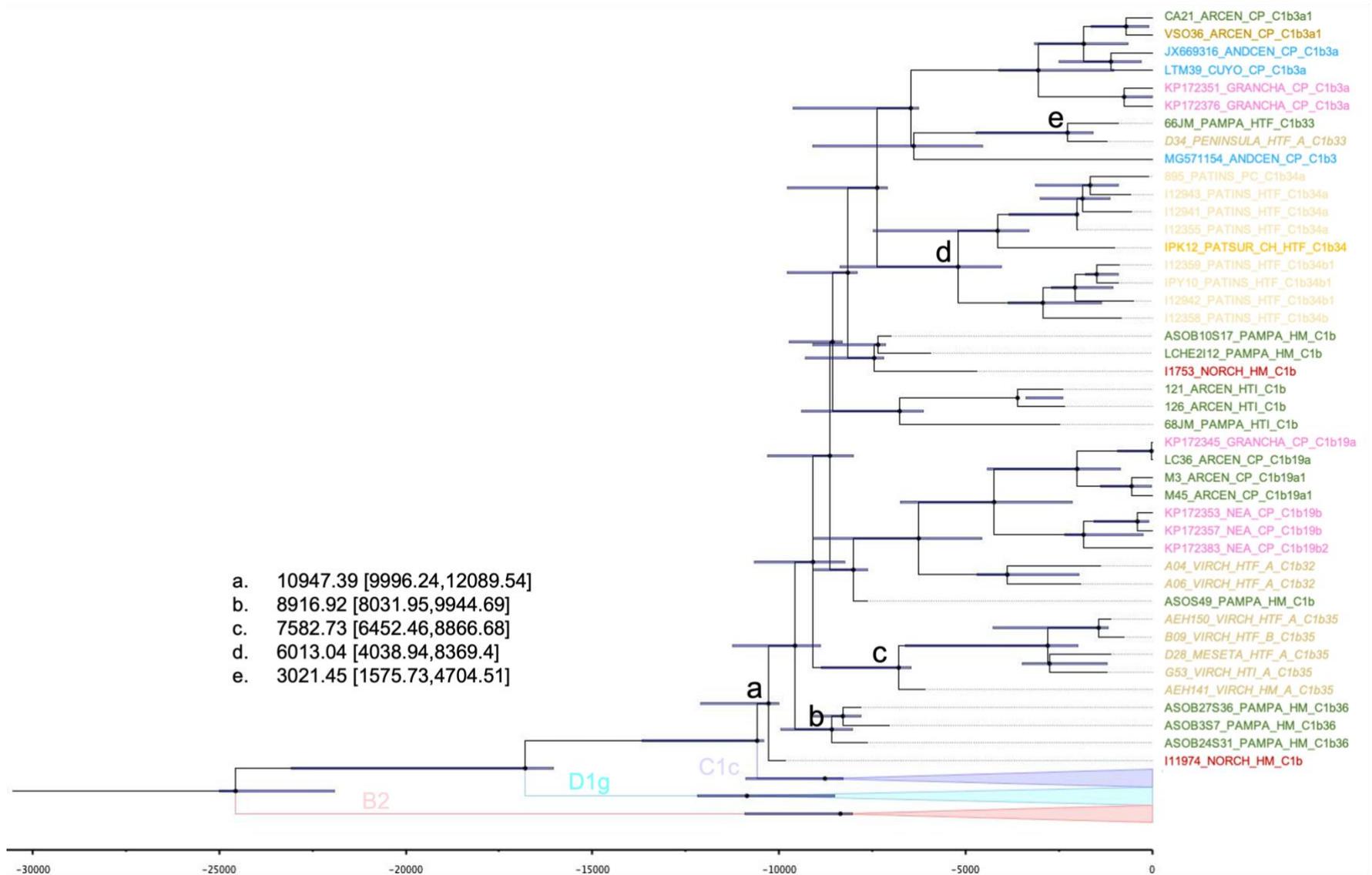


Figura P2: Árbol filogenético restringido al clado C1b y los tiempos de coalescencia de los clados de interés. El tiempo está medido en miles de años antes del presente. La coloración de cada individuo corresponde a una región geográfica especificada en la Figura 1.

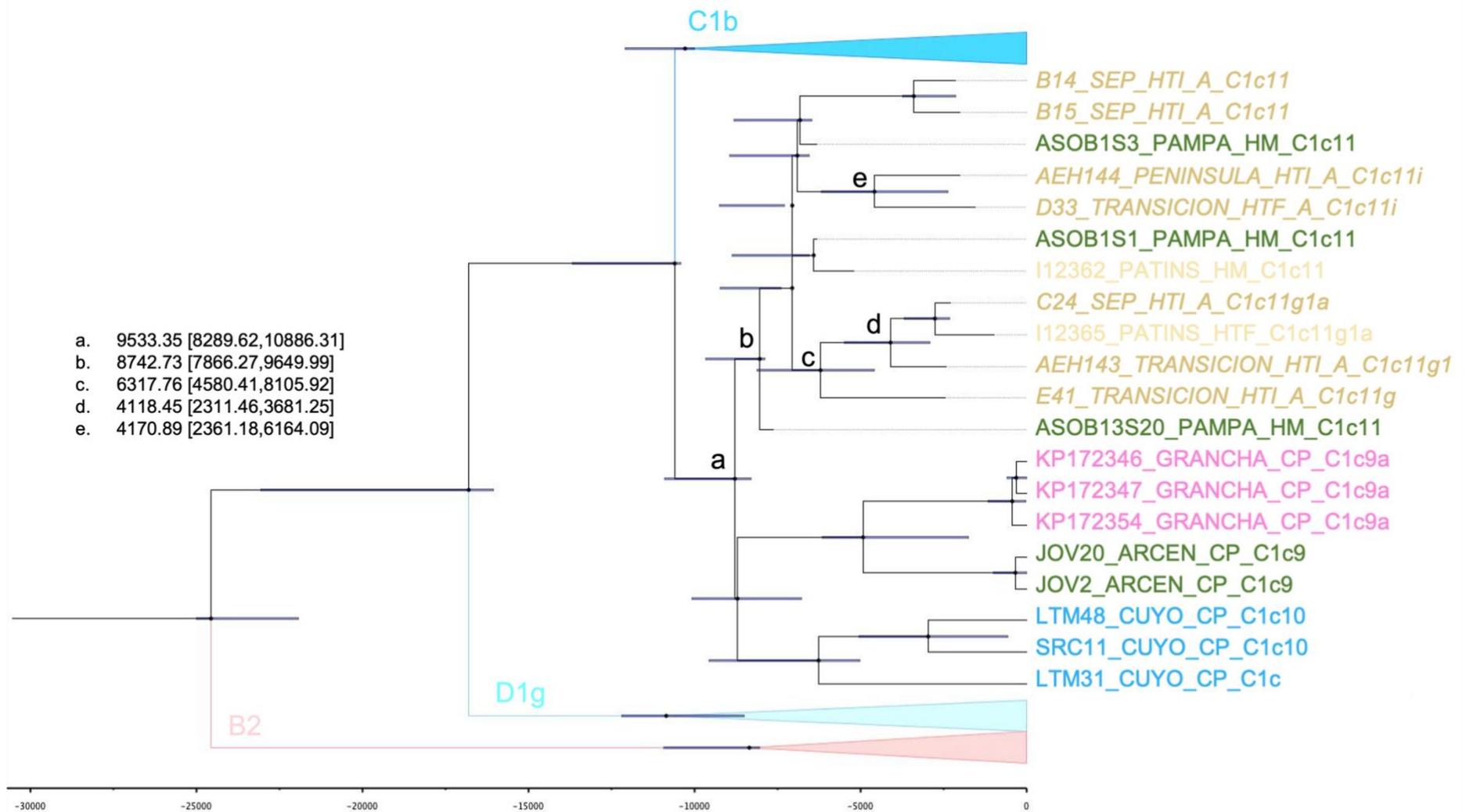


Figura P3: Árbol filogenético restringido al clado C1c y los tiempos de coalescencia de los clados de interés. El tiempo está medido en miles de años antes del presente. La coloración de cada individuo corresponde a una región geográfica especificada en la Figura 1.

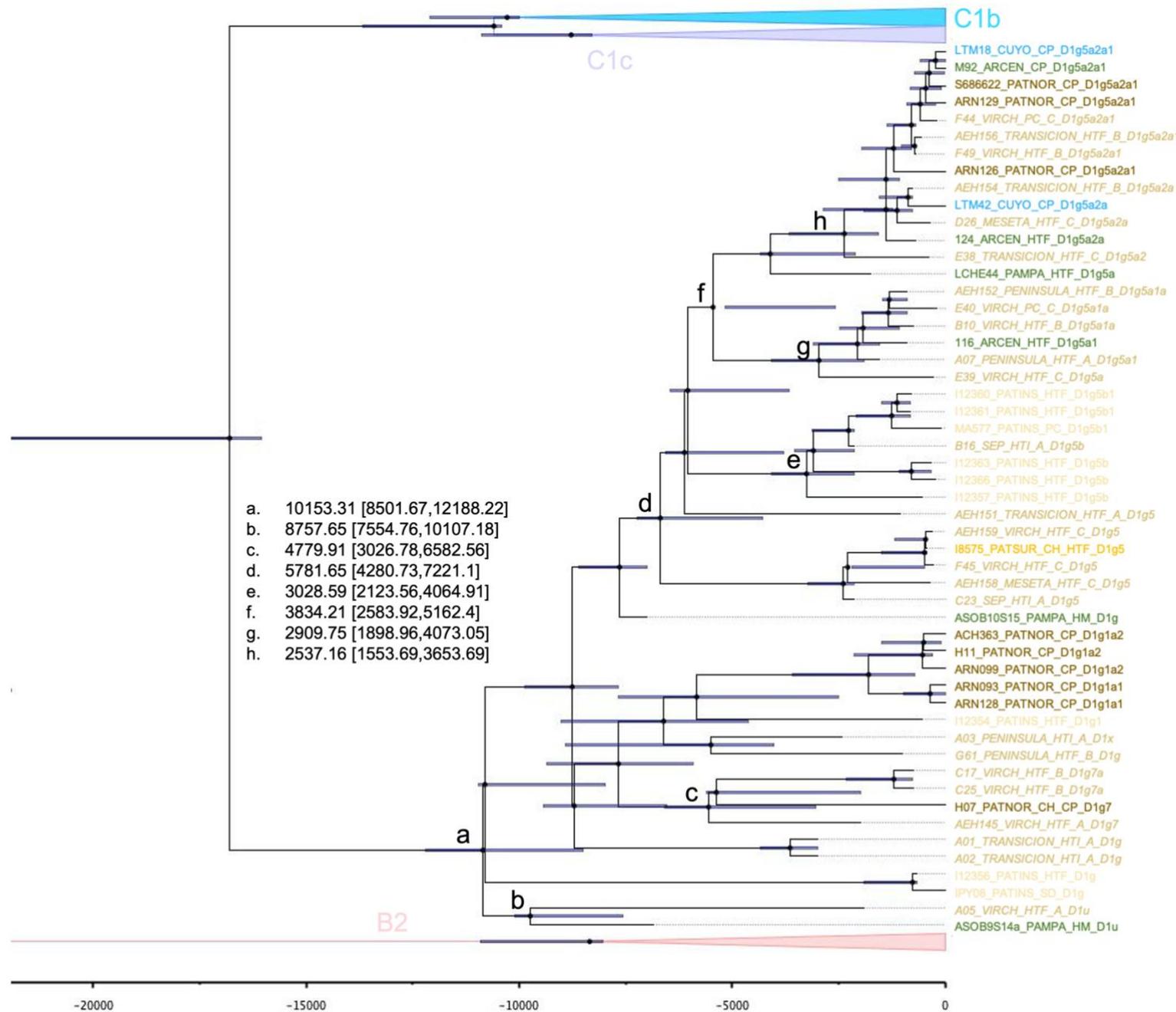


Figura P4: Árbol filogenético restringido al clado C1c y los tiempos de coalescencia de los clados de interés. El tiempo esta medido en miles de años antes del presente. La coloración de cada individuo corresponde a una región geográfica especificada en la Figura 1.

Apéndice Q: Prueba exacta de Fisher

Resumen: Se presentan las agrupaciones de observaciones según dos agrupaciones de clados para poner a prueba el test exacto de Fisher.

Prueba 1: número de agrupaciones 27

Region	B2ak1	B2ak1a	B2ak1b1	B2ak1b2	B2b15	B2b16a	C1b32	C1b33	C1b35	C1c11	C1c11g	C1c11g1	C1c11g1a	C1c11i	D1g	D1g5	D1g5a	D1g5a1	D1g5a1a	D1g5a2	D1g5a2a	D1g5a2a1	D1g5b	D1g7	D1g7a	D1u	D1x	Total
MESETA	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	3
PENINSULA	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	8
SEP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	5
TRANSICION	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	2	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	11
VIRCH	0	0	1	1	1	1	2	0	4	0	0	0	0	0	0	2	1	0	2	0	0	2	0	1	2	1	0	21

valor p = 0,1544

Prueba 2: número de agrupaciones 15

Region	B2ak1	B2b	C1b32	C1b33	C1b35	C1c11	C1c11g	C1c11i	D1g	D1g5	D1g5a	D1g5b	D1g7	D1u	D1x	Total
MESETA	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	3
PENINSULA	2	0	0	1	0	0	0	1	1	0	2	0	0	0	1	8
SEP	0	0	0	0	0	2	1	0	0	1	0	1	0	0	0	5
TRANSICION	2	0	0	0	0	0	2	1	2	1	3	0	0	0	0	11
VIRCH	2	2	2	0	4	0	0	0	0	2	5	0	3	1	0	21

valor p = 0,066

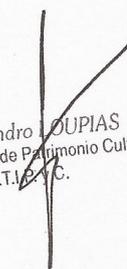
Apéndice R: Informe técnico

Resumen: Se presenta el informe técnico entregado a la Subsecretaría de Cultura de la provincia en cumplimiento con la Ley XI N 11 “Régimen de las Ruinas y Yacimientos arqueológicos, antropológicos y paleontológicos.”

Por medio de la presente se deja constancia que la **Dra. Laura PAROLIN** hizo entrega, a la Secretaría de Ciencia, Tecnología, Innovación Productiva y Cultura, del informe técnico correspondiente al Proyecto: **“Avances de los estudios genómicos realizados en nuestras arqueológicas del repositorio bioantropológico del Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus) CONICET-CCT CENPAT”**. En el marco de la Ley XI N° 11” Régimen de las Ruinas y Yacimientos arqueológicos, antropológicos y paleontológicos”. Decreto Reglamentario N°1387/98.-----

Se extiende la presente constancia, a los veintiún días del mes de junio de dos mil vendidos.-----

Mlgo. Leandro LOUPIAS
Director General de Patrimonio Cultural
S.C.T.P.C.



CONICET



I D E A U S

*Instituto de Diversidad y Evolución Austral
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas*

Puerto Madryn, 07 de Junio de 2022

Profesora Evelyn Urrutia Diaz
Directora de Investigación
Subsecretaria De Cultura
Secretaría de Ciencia, Tecnología, Innovación Productiva y Cultura de Chubut
Rawson – Chubut

S/D

REF: Elevación Informe

De mi mayor consideración:

Me dirijo a Ud. con el fin de elevarle el Informe Técnico correspondiente a **“AVANCES DE LOS ESTUDIOS GENOMICOS REALIZADOS EN MUESTRAS ARQUEOLOGICAS DEL REPOSITORIO BIOANTROPOLOGICO DEL IDEAus- CONICET; CCT-CENPAT”**

Por otra parte le agradeceríamos si pudieran extendernos una constancia que avale que se ha presentado este informe a la Subsecretaria Cultura, ya que sería valioso poder mencionarlo a un artículo de Ética que estamos elaborando **“Hacia un marco ético y legal en arqueogenética: Experiencia de trabajo en la región Atlántica de Patagonia Central”**, en el marco del respeto del tratamiento de restos óseos humanos y estudios genéticos, ya que a diferencia de la mayoría de nuestros colegas estas instancias de correctas vías de formalidad y trabajo mancomunado con las comunidades, son importantes de visibilizar y ser modelo de buenas prácticas del trabajo respetuoso y ético en la región y el país.

Desde ya Agradezco por su contribución,

Sin más la saludo atentamente,

Dra María Laura Parolin
INV. CIC. Conicet
IDEAus-Cenpat



*Instituto de Diversidad y Evolución Austral
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas*

Puerto Madryn, 24 de mayo 2022

SECRETARÍA DE CIENCIA, TECNOLOGÍA, INNOVACIÓN PRODUCTIVA Y CULTURA DE CHUBUT
SUBSECRETARIA DE CULTURA

Dirección De Investigación,
Profesora Evelyn Beroiza:

INFORME TÉCNICO:

“AVANCES DE LOS ESTUDIOS GENOMICOS REALIZADOS EN MUESTRAS ARQUEOLOGICAS DEL REPOSITORIO BIOANTROPOLOGICO DEL IDEAUs- CONICET; CCT-CENPAT”

Responsables:

Dra. María Laura Parolin. Investigadora Adjunta Conicet

Lic. Camila Tamburrini. Becaria Doctoral Conicet

Resumen del reporte:

El presente resumen consta de tres apartados (A, B y C) desarrollados a lo largo de 17 páginas. El apartado A, constituye el reporte de estancia de trabajo y entrenamiento de la Dra. María Laura Parolin en el Departamento de Genética de la Universidad de Stanford, realizada durante los meses septiembre del año 2016 y enero del año 2017 (páginas 2 a 6). En el apartado “B” por su parte, la Lic. Camila Tamburrini presenta su reporte de trabajo y entrenamiento en las instalaciones del Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano dependiente de la Universidad Nacional de México (LIIGH-UNAM) durante los meses de abril-diciembre del 2018 y agosto-noviembre del año 2021 (páginas 7 a 15). Por último, en la sección “C”, conjuntamente para los reportes A y B se especifica lo realizado hasta el momento en materia de Divulgación de los Resultados obtenidos. Se deja constancia de un Taller de transferencia de conocimiento que estamos desarrollando en conjunto con la Dirección de Asuntos Indígenas de la Provincia de Chubut y se citan los trabajos presentados a congresos que involucran a las muestras reportadas en el presenta informe (páginas 16 y 17).

A. REPORTE DE ESTANCIA DE TRABAJO Y ENTRENAMIENTO EN EL DEPARTAMENT OF GENETICS. STANFORD UNIVERSITY, USA (SEPTIEMBRE 2016 -ENERO 2017 – DRA. MARIA LAURA PAROLIN)

Durante la estancia de trabajo realizada por la Investigadora Dra. María Laura Parolin en el Center of Computational and Evolutionary Genetics. Department of Genetics, Universidad de Stanford, California, durante el período 29-09-2016 al 29-01-2017, se han cumplido satisfactoriamente con los objetivos propuestos de capacitación, procesamiento de las muestras arqueológicas y análisis de datos obtenidos basados en las nuevas tecnologías de análisis genómicos e informáticos.

Durante dicha estancia, se analizaron 19 muestras (16 con resultados) pertenecientes a diferentes sitios arqueológicos del Noreste de la provincia de Chubut y uno de Rio Negro, datados entre pre-contacto europeo 6070-770 AP (N=15) y período histórico 550-310 AP (N=4) (**Figura 1**). Las mismas se encuentran resguardadas en repositorio Bioantropológico del Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus), CCT-Cenpat Conicet, de Puerto Madryn. El objetivo principal de este primer trabajo fue lograr obtener información genómica de amplia cobertura en muestras antiguas, datos actualmente no factibles de obtener en nuestros laboratorios nacionales, a fin de ampliar la posibilidad de conocer los linajes ancestrales de los primeros habitantes originarios de nuestra región.

Para su transporte y procesamiento se contó tanto con el aval de Subsecretaría de Cultura de la Provincia de Chubut y del Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano (INAPL).

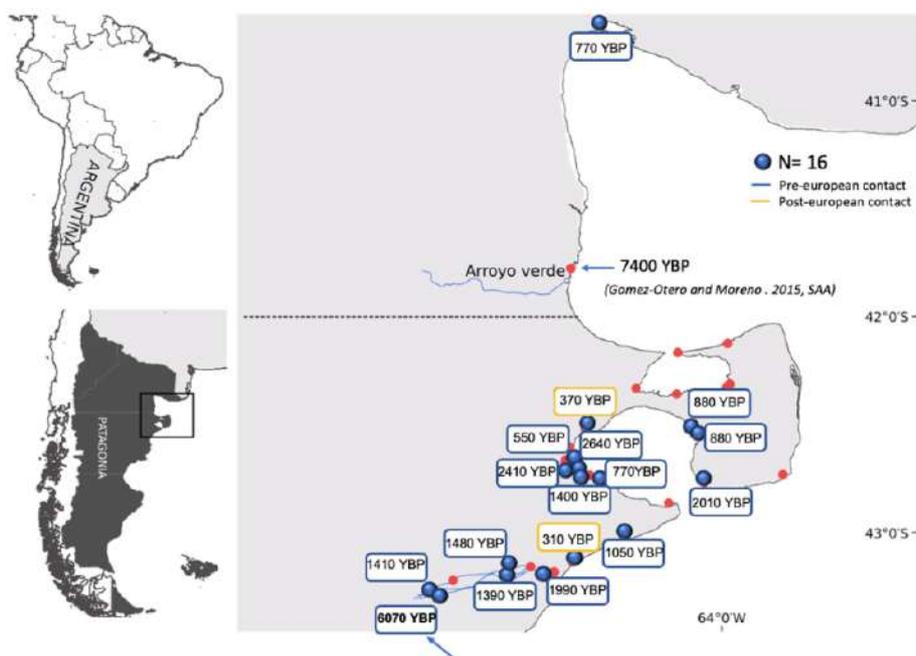


Figura 1-A.
 Muestras de las que se obtuvieron resultados analizables (N:16/19)

Trabajo de laboratorio

La extracción del ADN antiguo y preparación de las librerías genómicas, se realizaron en el Laboratorio Paleogenómico de la Universidad de Santa Cruz, California (UCSC, <https://pgl.soe.ucsc.edu>) dirigido por los Doctores Edward Green y Beth Shapiro. Dicho laboratorio es uno de los más prestigiosos en nuestro continente por presentar equipamiento e infraestructura adecuada para el procesamiento de muestras paleontológicas. El mismo cuenta con medidas extremas de descontaminación, circulación de aire por presión positiva y entrada restringida solo a investigadores especialistas en el tratamiento genómico de materiales paleo y arqueológicos. Previo al procesamiento de las muestras se seleccionaron aquellas piezas que presentaban mejores condiciones de preservación, siendo debidamente lavadas con hipoclorito de sodio, alcohol, e irradiadas con luz UV. Así como todo el material que se utilizó para su pulverizado. El protocolo de extracción, que implicó sólo el procesamiento de 0.1grs de respectivas muestras óseas y/o dentarias, fue elaborado por expertos en la temática de la UCSC, y fue cedido generosamente para su futura aplicación en nuestro laboratorio genético de IDEAus. Asimismo, en el Laboratorio Paleogenómico se prepararon las librerías genómicas con los adaptadores de código-específicos que fueron también cedidos por los investigadores de la UCSC para su posterior análisis mediante secuenciación masiva en el laboratorio genómico de la Universidad de Stanford.

En el BustamanteLab (<https://bustamantelab.stanford.edu>), se procedió a la cuantificación de las muestras por PCR Real-Time a fin de ajustar las concentraciones a 0.5nM de ADN librería, requeridas para la secuenciación masiva por NGS (Next Generation Sequencing). Luego de preparar el pool de muestras y controles internos, se procedió a su secuenciación utilizando un equipo NextGen500 de Illumina, y el kit sequencing- Nextgen 42pb length de 75 ciclos. En esta primera secuenciación se obtuvo en dato crudo 600 millones de lecturas (reads), y el objetivo principal fue determinar el nivel de degradación del ADN endógeno (característico de muestras antiguas) y el porcentaje de ADN exógeno presente en la muestra (generalmente bacteriano). Luego del análisis bioinformático de los datos, para todas aquellas muestras/librerías con un bajo contenido en ADN endógeno (< 5%), se realizó la técnica de captura de ADN humano mediante WISC (Whole Genome in Solution Capture), técnica desarrollada por el laboratorio del Dr. Bustamante, que permite incrementar el número de lecturas únicas entre 2X-14X. Asimismo sobre el total de las muestras estudiadas con ADN endógeno antiguo >5%, se realizó una segunda secuenciación para completar zonas del genoma con secuencias incompletas (gaps) (Figura 2).

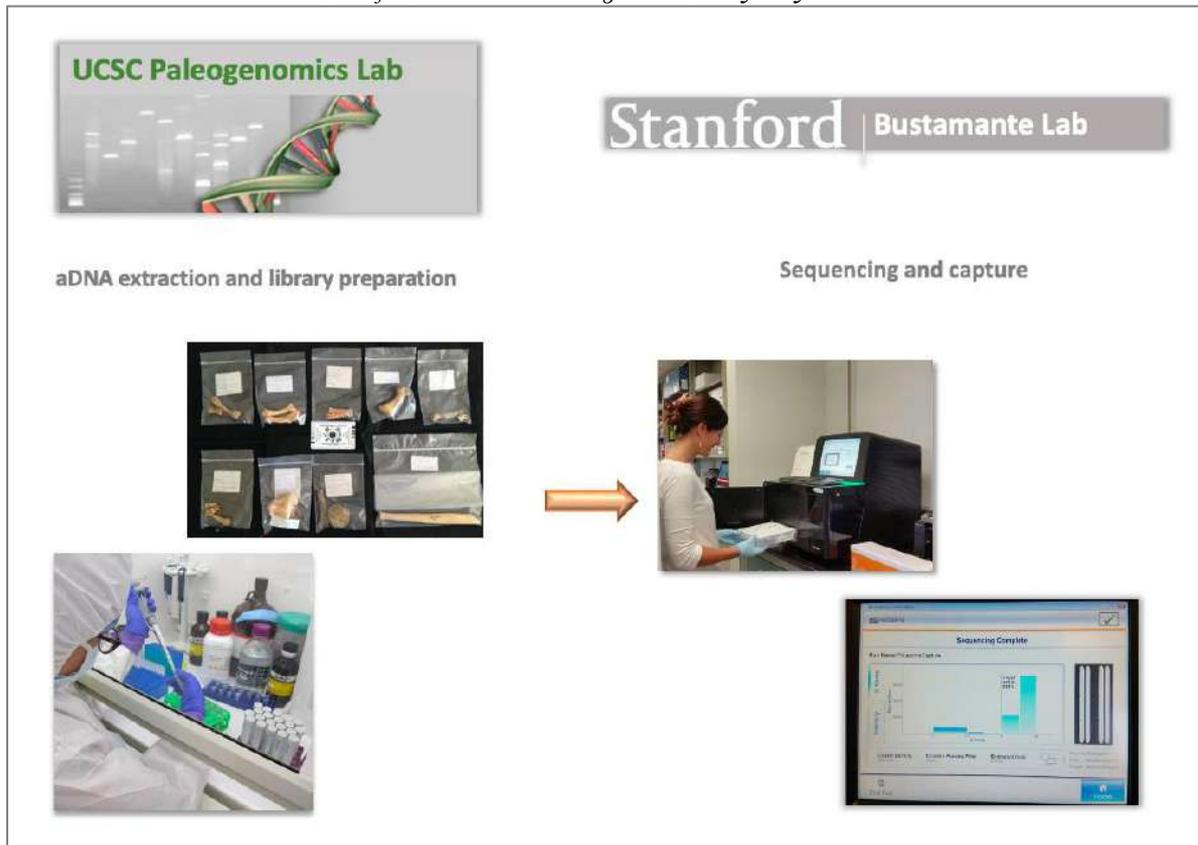


Figura 2-A. Flujo de trabajo en laboratorio.

Análisis bioinformático de los datos genómicos

Para el procesamiento de la información obtenida mediante NGS se recibió capacitación para el manejo bioinformático de los datos genéticos en plataforma Unix. En primer lugar, se procedió a descomprimir los datos, se eliminaron los adaptadores (adapter-remover) y se realizó un alineamiento de los fragmentos con el genoma humano de referencia (hg19) usando el programa BWA. Utilizando el programa SAMtools se filtraron aquellas secuencias que no alinearon con el genoma humano, de calidad menor q25 bases, y se eliminaron las secuencias con repeticiones. Una vez que se obtuvo el filtrado de las lecturas únicas y humanas (ADN endógeno), se analizó el patrón de daño del mismo para determinar la calidad de las secuencias. Este último proceso permitió autenticar que las secuencias obtenidas fueran verdaderamente de ADN antiguo, ya que el mismo debe presentar un patrón de daño característico que se refleja en un exceso de T (5') o A (3') en los extremos rotos monocatenarios, mientras que las muestras modernas no presentan en general patrón de daño. Este análisis se realizó mediante la ejecución de MapDamage. Mediante éste último análisis pudo confirmarse que todas las secuencias obtenidas pertenecían a ADN endógeno antiguo (Figura 3).

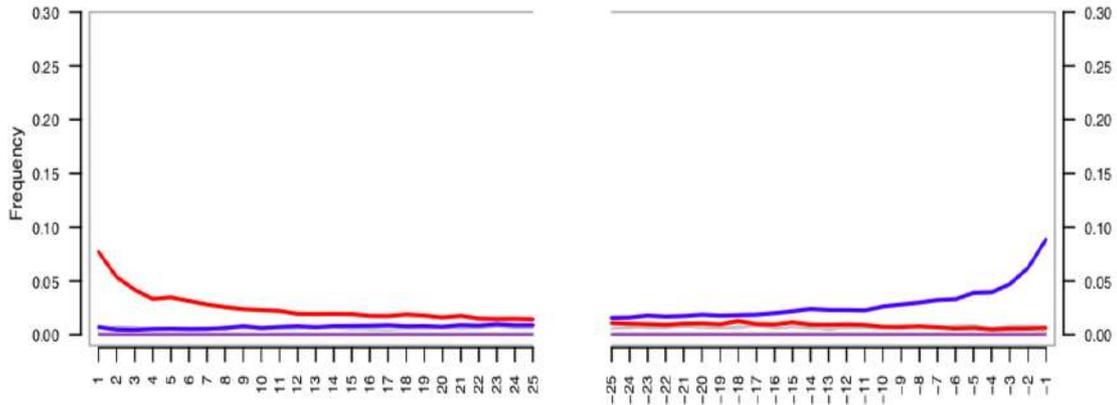


Figura 3-A. Patrón de daño del ADN característico de muestras antiguas.

La estimación de sexo molecular para cada muestra se basó en el método descrito por Skoglund *et al.* (2013). Este consiste en calcular un estadístico R_y que representa la fracción entre el número de *reads* o lecturas de ADN que alinearon contra el cromosoma Y (n_y) y el número total de *reads* que lo hicieron a ambos cromosomas sexuales ($n_x + n_y$), con un intervalo de confianza del 95%. Siguiendo los criterios de Skoglund *et al.* (2013), en caso de ser el límite superior intervalo de confianza del cociente R_y menor a 0.016, entonces se infiere que el sexo molecular para ese individuo es femenino, mientras que si el límite inferior del intervalo de confianza para el cociente R_y es superior a 0.077, la muestra es asignada al sexo masculino.

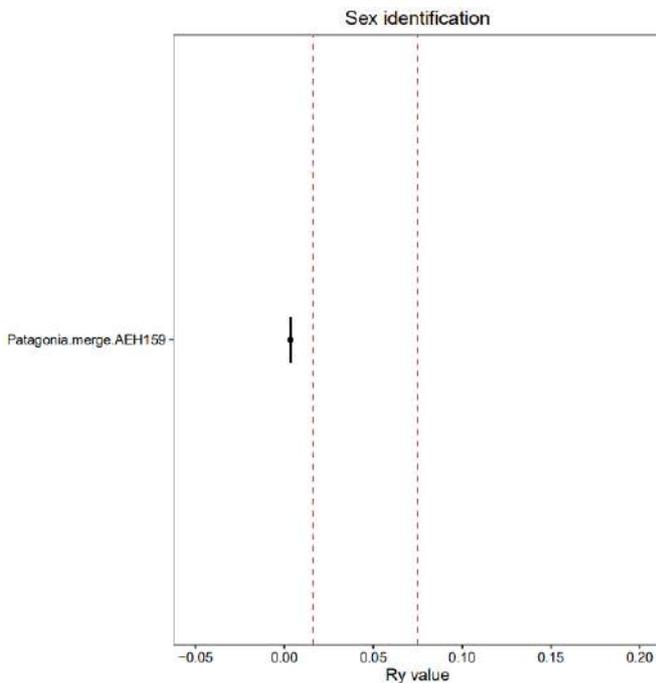


Figura. 4-A Asignación del sexado molecular. Imagen representa a un individuo de sexo femenino

Resultados obtenidos

Delas 19 muestras procesadas, 16 presentaron una buena preservación del ADN endógeno con un rango de 10% al 68%. Solo 3 muestras no permitieron obtener resultados concluyentes

El análisis preliminar indicó que los 16 genomas de ADNmt de la Patagonia Central pertenecen a los haplogrupos B2 (21%), C1b (21%), C1c (5%), D1 (47%) y D4h3a (5%). Cuando se compara estos resultados con una base de datos de >19 000 secuencias de regiones de control y >2100 mitogenomas de origen nativo americano se observa: 1) mientras que las poblaciones indígenas modernas del norte y centro de la Patagonia de Argentina y Chile derivan del 41 al 54 % de sus linajes maternos de los clados B2i2 y C1b13, ninguno de estos está presente en nuestro conjunto de datos; 2) el 75% de nuestros linajes B2 y C1b comparten polimorfismo derivado con linajes que hasta ahora se sabe que están presentes solo en el centro-oeste de Argentina moderno; y 3) aunque los patagónicos modernos portan las frecuencias continentales más altas de D1g, el conjunto antiguo se enriquece principalmente en D1g5, un linaje ampliamente distribuido desde el centro-sur de los Andes hasta Tierra del Fuego (incluyendo dos muestras con variantes privadas no descritas al momento. El próximo análisis de la porción nuclear de estas muestras nos ayudará a comprender mejor los procesos migratorios y de mezcla en la región patagónica.

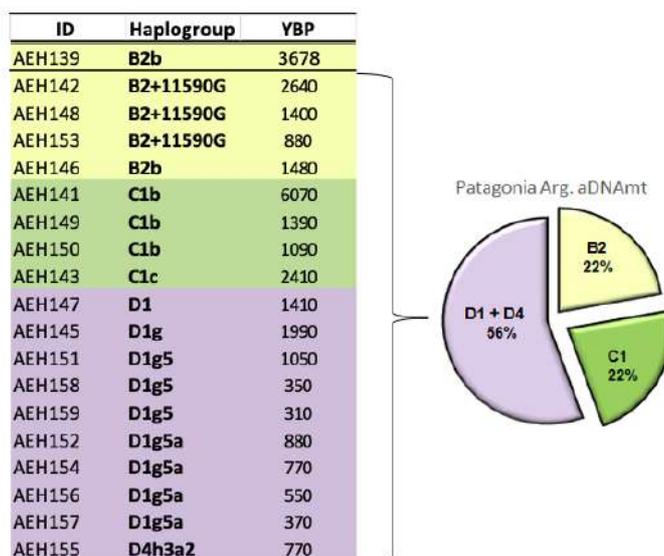


Figura 5-A. Resultados de genomas mitocondriales obtenidos (MITOGENOMAS). YBP: por las siglas “years before present”, “años antes del presente” corresponden a la datación de cada muestra

B. REPORTE DE ESTANCIA DE TRABAJO Y ENTRENAMIENTO EN EL LABORATORIO INTERNACIONAL DE INVESTIGACIÓN GENÓMICA HUMANA (ABRIL-DICIEMBRE 2018 – LIC. CAMILA TAMBURRINI)

En el marco de un proyecto binacional México-Argentina y en relación con el proyecto doctoral de la Lic. Tamburrini, titulado “*Diversidad genética de muestras arqueológicas humanas del nordeste de la provincia del Chubut (Patagonia argentina) durante el Holoceno (6070-310 años AP)*” a cargo de la dirección de la Dra. María Laura Parolin y bajo la co-dirección de la Dra. Silvia Dahinten, se solicitó el préstamo a secretaría de cultura de 43 muestras de restos esqueléticos humanos para ser procesadas en el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH-UNAM, México) a cargo de la Dra. María Ávila-Arcos. Para su exportación y procesamiento se contó con el aval de Subsecretaría de Cultura de la Provincia de Chubut y del Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano (INAPL) (Rsol N° 35 2018/DI-SC MC/eb y DI-2018-15-APN-INAPL#MC, respectivamente). Asimismo, la investigadora responsable de la institución receptora, la Dra. María Ávila-Arcos, emitió por escrito la aceptación de las muestras para ser procesadas y resguardadas bajo estrictas normas de seguridad (nota adjunta donde figuran sus datos de contacto).

Se plantea, como objetivo general del proyecto, **caracterizar la diversidad genética de las poblaciones humanas que habitaron la actual provincia de Chubut (Patagonia central argentina) durante el Holoceno (6.070 ± 80 ^{14}C años AP hasta muestras modernas)** y evaluar posibles variaciones en el acervo génico a escala temporal y espacial (Figura 1-B) a partir de una muestra poblacional de restos humanos procedentes del repositorio de Antropología Biológica del Instituto de Diversidad y Evolución Austral del IDEAus-CONICET.

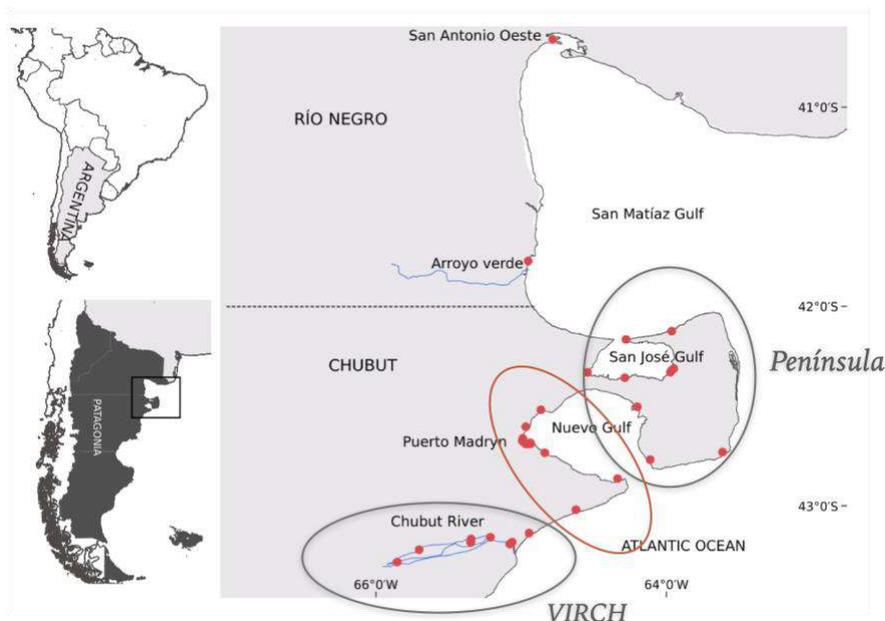


Figura 1-B. Mapa de Patagonia central argentina mostrando las microrregiones mencionadas en el texto. VIRCH: Valle Inferior del Río Chubut. El círculo naranja constituye la microrregión denominada “Transición”

Trabajo de laboratorio LIIGH-UNAM

Se procesaron un total de 61 muestras. 43 registradas bajo número de resolución antes mencionado (Rsol N° 35 2018/DI-SC MC/eb y DI-2018-15-APN-INAPL#MC, respectivamente) y 18 provenientes de los estudios iniciados por la Dra. Parolin en el Department of Genetics, Stanford University, USA en septiembre del 2016 enviadas por correo desde dicha institución y recibidas por el LIIGH-UNAM.

Todos los métodos aplicados fueron realizados bajo estrictas normas de seguridad e higiene a fin de evitar cualquier tipo de contaminación que pudiere afectar los resultados en su posterior análisis. En este sentido el laboratorio de la Dra. María Avila-Arcos cuenta con las medidas necesarias para el tratamiento del material seleccionado para extracción de ADN antiguo siguiendo las recomendaciones de Kemp y Glenn-Smith, (2010). Entre ellos un laboratorio exclusivo para ADN antiguo separado de las instalaciones donde se analizan muestras modernas (Figura 2-B).

Laboratorio
ADN moderno



Laboratorio
ADN antiguo

Figura 2-B: Instalaciones del Laboratorio Internacional de Investigación sobre Genoma Humano. Se observa la separación física del laboratorio de ADN antiguo del de ADN moderno, requisito clave para el correcto procesamiento de las muestras humanas antiguas.

Procesamiento del material

Previo al procedimiento de obtención del material genético, se sometió el material arqueológico a un proceso de limpieza a fin de eliminar restos de tierra y posibles contaminantes superficiales producto de la manipulación del mismo durante las excavaciones y análisis técnicos. Las muestras fueron procesadas en 8 tandas diferentes nombrados desde la A hasta la H el ID de la tanda se incluyó en el ID de la muestra, por lo que todas las muestras de una misma tanda comienzan con la misma letra y les siguen un número único consecutivo para cada una. Cada batch incluyó 1 control negativo de extracción, dando un total de 69 procesamientos entre muestras y controles.

Extracción de ADN

La extracción del material genético se realizó a partir de los 0.2g de material fragmentado siguiendo los protocolos de Rohland and Hofreiter's (2007) y Dabney modificados dependiendo del estado y tipo de material (Figuras 3-B y 4-B). Es importante mencionar que la cantidad de material utilizado para cada una de las muestras se encuentra entre los rangos estipulados mediante Ley Provincial V número 160. Los valores de cuantificación del material genético por Qubit variaron entre 0.204 y 9.14 ng/uL con un promedio de cuantificación de extracción de 1.99 ng/uL, demostrando la presencia de ADN en las muestras procesadas. Sin embargo, hay que tener presente que este cálculo incluye tanto ADN endógeno, es decir, ADN de quien fuera el individuo de quien se tomó la muestra arqueológica como ADN exógeno, es decir, ADN no propio del individuo como puede ser ADN contaminante moderno, o ADN de microorganismos.

Librerías genómicas

La construcción de librerías genómicas es un paso fundamental para la posterior secuenciación del extracto de ADN por métodos de secuenciación masiva en paralelo (MPS por sus siglas en inglés "Massive Parallel Sequencing"). Dado que muchas de las plataformas de secuenciación desarrolladas por Illumina requieren un largo de fragmento no mayor a 600 pb, la generación de librerías genómicas consiste en purificar y anexar a la secuencia de ADN fragmentos específicos de oligonucleótidos a fin de poder ser identificados luego bioinformáticamente (Figuras 3-B y 4-B).

Se realizaron las librerías para cada muestra incluyendo 1 o más controles de librería por cada tanda realizada. Todas las muestras presentaron patrones de amplificación correctos.

Cabe aclarar que el Procesamiento y la Extracción y construcción de librerías se generan en espacios separados físicamente para evitar contaminación (Figura 3-B).



Figura 3-B: Laboratorio de ADN antiguo. Se muestra la separación física del proceso de "Procesamiento del material" con el de "Extracción" y "construcción de librerías genómicas".

Secuenciación: NextSeq 550

Las librerías genómicas construidas fueron enviadas a un servicio terciarizado para su secuenciación por técnicos especializados del Laboratorio de Servicio Genómicos del LANGEBIO (CINVESTAV-Irapuat, <http://langebio.cinvestav.mx/labsergen/>), utilizando la plataforma Illumina NextSeq550 a rendimiento medio (2 x 150 pares de bases).

1 Obtención del material genético y secuenciación genómica

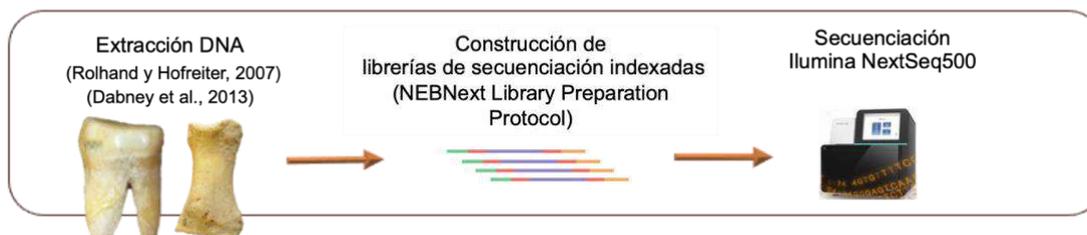


Figura 4-B.: Resumen esquemático del flujo de trabajo realizado en las instalaciones del LIIGH-UNAM

Análisis bioinformáticos

Luego de su secuenciación se realizó un análisis de los fragmentos obtenidos por métodos bioinformáticos.

Los fragmentos obtenidos mostraron parámetros esperados para ADN antiguo: fragmentos de corta longitud (menores a 100 pares de bases) y un patrón de daño en los extremos característicos del ADN antiguo como los mostrados en el informe de la Dra. Parolin (Figura 3-A del correspondiente informe).

A continuación, se presenta un breve marco teórico para la interpretación de los resultados obtenidos hasta el momento.

Breve marco teórico y principales resultados y observaciones

Marco teórico

Las mitocondrias son organelas citoplasmáticas que se encuentran presentes, a excepción de los glóbulos rojos maduros, en todas las células del cuerpo humano en un número variable de acuerdo con el requerimiento energético del tipo celular. Las mitocondrias se caracterizan por presentar moléculas de ADN propio (ADNmt). Varios estudios realizados en las décadas del 70 y 80 documentaron en humanos la herencia exclusivamente materna de este material genético

(Case y Wallace 1981, Giles et al. 1980, Kaneda et al. 1995). Por lo tanto, el genoma mitocondrial es heredado exclusivamente de madres tanto a hijos varones como mujeres sin recombinar, pudiendo variar sólo por eventos mutacionales (Figura 5-B). Por lo tanto, estos linajes perduran en el tiempo generación tras generación. Esto permite rastrear el origen continental del ancestro más antiguo materno. Algunos tipos de mutaciones han ocurrido en tan baja frecuencia que su presencia determina grupos poblacionales emparentados por dicha mutación (Alvarez Trentini 2008). Estas combinaciones de mutaciones acumuladas en una misma molécula de ADNmt, definen lo que se conoce como haplotipo y al conjunto de mutaciones compartidas por más de un linaje familia, se lo define como haplogrupo. Estos clusters mutacionales identifican grupos geográficos y son por lo tanto una herramienta valiosa en estudios antro-po-genéticos. A grandes rasgos clasificamos los haplogrupos en Autóctonos (denominados con las primeras 4 letras del alfabeto: A, B,C y D) y Alóctonos (resto del alfabeto).

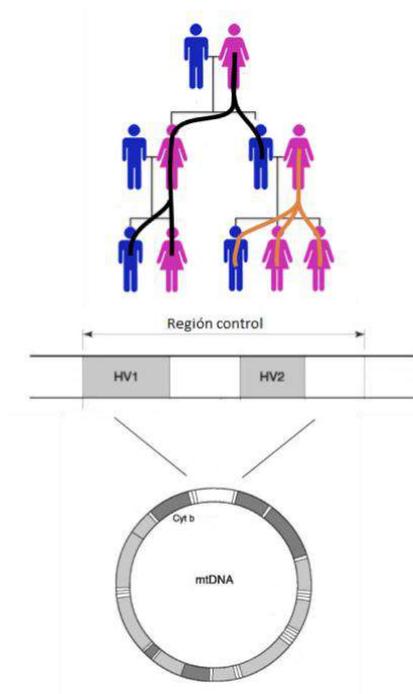


Figura 1-B: esquema de la herencia materna del ADNmt. En la figura se observan dos linajes maternos diferentes (línea negra y línea naranja). Muchos trabajos analizan solo la porción hipervariable de la mitocondria (señalada por ampliación). En los estudios llevados a cabo se analiza el ADN mitocondrial es su totalidad (16569 pares de bases)

Gráfico de frecuencia de haplogrupos

En la figura 6-B se muestran aquellas muestras con buenos resultados obtenidos en el LIIGH-UNAM hasta la fecha. Todos los linajes encontrados corresponden a linajes autóctonos. Lo primero que analizamos fue la frecuencia de los distintos haplogrupos mitocondriales en la muestra poblacional. Las Figuras 6-B y 7-B muestra la incidencia de cada linaje materno en la muestra poblacional estudiada. Vemos una predominancia de los haplogrupos C1 y D1 característicos de la región Patagónica. Si bien el haplogrupo B2 se ha encontrado en restos antiguos previamente publicados y en el set de datos analizados durante la estancia, es un Hg con altas frecuencias en poblaciones modernas del norte del país.

En la tabla de la Figura 6-B se observa una alta diversidad de linajes maternos, lo cual es interesante, ya que al ser una muestra poblacional reducida se esperaría una menor diversidad genética. También se analizó la cantidad de muestras con resultados por microrregiones a fin de poder determinar donde es necesario continuar con la obtención de resultados a fin de tener una cobertura homogénea de la región.

Haplogrupo	ID	MICRORREGION	años AP	Sub-Haplogrupo
B2	F51	PENINSULA	-	B2z
	C22	VIRCH	1260±90	B2
	G57c	VIRCH	-	B2b
	G58	VIRCH	Proceso	B2
C1	B09c	VIRCH	Asoc.1260±90	C1b15
	A06	VIRCH	Asoc.1920±90	C
	G53c	VIRCH	Proceso	C
	D34c	PENINSULA	1200	C
	D33c	PENINSULA	1540	C1c
	E41c	TRANSICION	2430±80	C1c
	B14D	SUR	2130 ± 80	C
	B15	SUR	nd	C
	C24-2	SUR	2190 ± 70	C
	D28	MESETA	nd	D1g5
D1	A03	PENINSULA	2410±70	D1g
	A07	PENINSULA	1530±50	D1g5a
	B16	SUR	nd	D1g5
	C17	VIRCH	Asoc.1260±90	D1g
	D26	MESETA	350±50	D1g5a1
	E38	TRANSICION	370	D1g5a
	E39	VIRCH	270	D1g+16189
	E40	VIRCH	moderno	D1g5
	A05c	VIRCH	1920±90	D1
	B10	VIRCH	Asoc.1260±90	D1g5
	F44c	VIRCH	moderno	D1g5
	F45	VIRCH	moderno	D1g+16189
	G61c	PENINSULA	-	D1g
	A01	TRANSICION	Asoc.2990±60	D1g
	A02	TRANSICION	Asoc.2990±60	D1g
	E38c	TRANSICION	370	D1g5
	F49c	TRANSICION	690±50	D1g5
C23D	SUR	2300 ± 70	D1g+16189	

RECUESTO AL 24/05/2022	
Temporalidad	
PRE-CONTACTO	21
POST-CONTACTO	3
sin dato	8
Total	32

Microrregión	
VIRCH	13
Península	6
SEP	5
Meseta	2
Transición	6
Total	32

FIGURA 6-B. Resultados obtenidos hasta la fecha (izquierda) de las muestras procesadas en el LIIGH-UNAM y recuento por temporalidad y microrregión (derecha). En la Tabla se presentan los resultados para cada muestra analizada (ID) su asignación a un macro-haplogrupo (primer columna ADNmt) y a su linaje específico (columna mtDNA sub-Hg), su datación radiocarbónica (columna años AP y su microrregión de origen (columna microrregión).

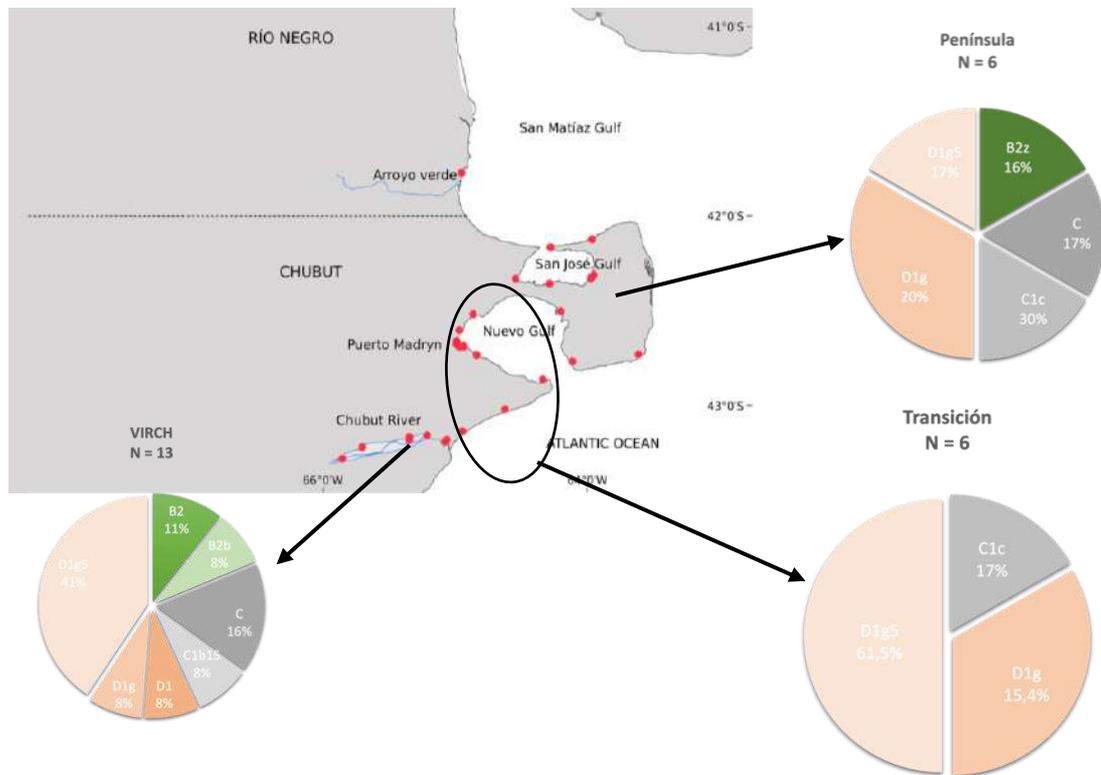


Figura 7-B: esquema de frecuencias del linaje materno obtenidas por microrregión (Península, Transición y Valle Inferior del Río Chubut-VIRCH). Se excluye del gráfico las muestras provenientes del Sur de la provincia y de la meseta por presentar un número de muestras muy reducido (los resultados para estas microrregiones se destacan en Figura 6-B). Para más información remitirse a la Figura 6-B.

Principales observaciones de los resultados obtenidos mediante el acuerdo binacional México-Argentina

- La población estudiada presentó una mayor diversidad genética a la esperada para poblaciones antiguas considerando los estudios previos realizados en Tierra del Fuego por otros colegas y la baja densidad demográfica de la población
- Muchos de los linajes observados en Patagonia central costera definen nuevos sub-haplogrupos no encontrados previamente en Sudamérica en poblaciones modernas ni antiguas (B2z)
- Este trabajo pone en evidencia la necesidad de ampliar tanto el número de muestras en las diferentes regiones de Patagonia como la resolución de los análisis para poder dilucidar diversidad local y redes de contacto

REPORTE PRELIMINAR DE LAS MUESTRAS TRANSPORTADAS AL LABORATORIO INTERNACIONAL DE INVESTIGACIÓN SOBRE GENOMA HUMANO Y ESTANCIA DURANTE EL PERÍODO AGOSTO-NOVIEMBRE DEL AÑO 2021

En esta segunda instancia, fui capacitada principalmente en técnicas de captura de ADN mitocondrial. Esta técnica permite recuperar ADN mitocondrial en mayor cantidad (www.arborbiosci.com/mybaits-manual) que las implementadas en 2018. Cabe aclarar que este método no requirió la destrucción de nuevo material arqueológico ya que se utilizan los extractos de ADN obtenidos durante mi estancia en 2018, preservando de esta forma el patrimonio arqueológico nacional de destrucciones innecesarias. Se implementó esta técnica en muestras que no habían dado buen ADN por técnicas convencionales de obtención de ADN. Los datos de esta instancia aún se encuentran en análisis y serán reportados una vez completado su análisis.

Por otro lado, se me encomendó la exportación de nuevas muestras arqueológicas gestionadas por la Dra. Parolín. Los permisos correspondientes fueron gestionados ante la Subsecretaría de Cultura de la Provincia de Chubut y del Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano (INAPL), este último bajo resolución número DI-2021-32-APN-INAYPL#MC y DI-2021-44-APN-INAYPL#MC (para las autorizaciones de Secretaría de Cultura se adjuntan permisos). Una vez que estas muestras sean procesadas el informe correspondiente será brindado por quien le competa.

BIBLIOGRAFÍA MENCIONADA EN EL APARTADO B: REPORTE DE ESTANCIA DE TRABAJO Y ENTRENAMIENTO EN EL LABORATORIO INTERNACIONAL DE INVESTIGACIÓN GENÓMICA HUMANA (ABRIL-DICIEMBRE 2018 – LIC. CAMILA TAMBURRINI)

- Alvarez Trentini Y (2008). Un análisis antropogenético de las localidades de Comodoro Rivadavia y Esquel, en la provincia de Chubut. Buenos Aires: Universidad de Buenos Aires. 92 p.
- Case JT, Wallace DC (1981). Maternal inheritance of mitochondrial DNA polymorphisms in cultured human fibroblasts. *Somatic Cell Genetics* 7: 103-108.
- Dabney, J., Knapp, M., Glocke, I., Gansauge, M.-T., Weihmann, A., Nickel, B., ... Meyer, M. (2013). Complete mitochondrial genome sequence of a Middle Pleistocene cave bear reconstructed from ultrashort DNA fragments. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(39), 15758–15763. <https://doi.org/10.1073/pnas.1314445110>
- Giles RE, Blanc H, Cann HM, Wallace DC (1980). Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proceedings of the National academy of Sciences* 77: 6715-6719.

- Kaneda H, Hayashi J, Takahama S, Taya C, Lindahl KF, Yonekawa H (1995). Elimination of paternal mitochondrial DNA in intraspecific crosses during early mouse embryogenesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 92: 4542-4546.
- Kemp, B. M., & Smith, D. G. (2010). Ancient DNA methodology: Thoughts from Brian M. Kemp and David Glenn Smith on " Mitochondrial DNA of protohistoric remains of an Arikara population from South Dakota". *Human biology*, 82(2), 227–238.
- Rohland, N., & Hofreiter, M. (2007). Ancient DNA extraction from bones and teeth. *Nature protocols*, 2(7), 1756–1762. <https://doi.org/10.1038/nprot.2007.247>

C. Divulgación de los resultados obtenidos

Al momento únicamente se han realizado presentaciones en congresos, y no se ha formalizado la publicación de los resultados obtenidos en revistas científicas.

Este hecho se debe principalmente a que se priorizó avanzar en la publicación de un trabajo referido al marco ético legal sobre el estudio de restos arqueológicos humanos desde el ADN. Trabajo que se encuentra en su etapa final y se ha desarrollado exhaustivamente contando con la colaboración con la Dirección de Asuntos Indígenas de la provincia de Chubut. Este trabajo se espera sea un referente de las “buenas prácticas” del trabajo mancomunado entre ciencia y comunidades originarias, visibilizando de este modo a los colegas que trabajan en nuestra misma línea de investigación que es posible trabajar con total respeto del marco ético legal de los restos antiguos y comunidades actuales.

Asimismo, queremos destacar que la divulgación de los resultados obtenidos también la haremos en primer lugar a las comunidades originarias en el marco de un Taller que se llevara a cabo el día **2 de Julio del corriente año bajo Resolución de Dirección de Asuntos Indígenas 281/2022 S DDHH GCSG/**:

TALLER: “Transferencia de saberes entre científicos y comunidades originarias de la Provincia de Chubut. Primera Edición 2022: Avances, debate y perspectivas sobre los primeros resultados de estudios genéticos ancestrales”

Trabajos presentados en congresos:

2019-Tamburrini C, Ávila-Arcos M, Fregel R, Villa-Islas V, Bravo-López M, Dahinten S, Gómez-Otero J, Millán G, Basso N, Bustamante C, Parolin ML. “Genómica y ADN antiguo: en busca de los orígenes de los cazadores-recolectores de la costa central de Patagonia Argentina (6070-310 años AP)”. Simposio: Estudios genómicos en Argentina. XIV JNAB Octubre 2019. Libro de Resúmenes de las XIV Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. Jujuy, Argentina. ISBN 978-987-27445-3-3. p 99.

2018- Tamburrini C. Segundo Coloquio Bioarqueología México en carácter de expositora oral. Escuela Nacional de Antropología e Historia (CDMX, México). Diversidad genética de muestras arqueológicas humanas de Patagonia argentina (6000-310 años AP): avances preliminares.

2017-Parolin ML, Fregel Lorenzo RI, Bravi CM, Mendez FL, Dahinten S, Gómez Otero J, Shapiro B, Green RE, Tamburrini C, Basso NG, Bustamante C. “Ancient mitogenomes of Argentine Patagonia (6070-310 YBP) reveal the early contribution of lineages not previously found in South America.”

2017-Comunicación oral. Sesión: Population genomics of ancient DNA. XVII Society of Molecular Biology & Evolutional Congress-SMBE, 2-6 Julio 2017, Austin Texas, USA. p.140. doi.org/10.7287/peerj.preprints.3098v1

2022-Millán, A.G., Tamburrini, C., Parolin, M.L., Dahinten, S., Gómez Otero, J., Suby, J., (2022). Estimación sexual en restos óseos de cazadores-recolectores de Patagonia central argentina: contrastación de métodos morfométricos con análisis paleogenéticos. Revista Argentina de Antropología Biológica.

TABLAS SUPLEMENTARIAS

Tabla S2. Información de extracción de ADN, construcción de bibliotecas genómicas y resultados de ADN mitocondrial (CONTINUACIÓN)

Recuento	ID Muestra	ID Lab	ID arqueológico	ID Librería	Datación 14C AP	Material procesado	Método de extracción	Tipo de librería	Cadao ADNmt	ESTADÍSTICA DE MAPEO Y FILTRADO DE CALIDAD											ESTIMACIÓN DE CONTAMINACIÓN SCHMUTZI			COBERTURA Y LARGO DE FRAGMENTOS								
										Trimmed reads	Reads mapeados (Ng19)	Reads mapeados calidad Q25	Largo de eliminar duplicados	Reads únicos / Endógeno	Trimmed (%)	Mapeado (%)	Mapeados Q25 (%)	Largo de eliminar duplicados (%)	Reads únicos / Endógeno (%)	Duplicados (%)	Promedio	Límite inferior	Límite superior	ATLAS cobertura (x)	Posiciones cubiertas (z1)	# reads	ATLAS largo promedio (pb)	ADNmt rangos cubiertos	% ADNmt cubierto (cobertura horizontal)	AWK cobertura (x)	SAMTOOLS largo promedio (pb)	
32	F43	F43D	CNP ABI_027	LP1PC15314	1390460	Diente (molar)	Dabney et al. (2013)	shotgun		1458416	348	348	265	265	/	0.01416%	0.01416%	0.01078%	0.01078%	23.85%	0/0	0/0	0/0	1.397	12335	265	87.34	-	1.866	87.34		
		F43E		LP1PC15355			Dabney et al. (2013)	shotgun		3124139	1135	1135	139	139	/	0.01363%	0.01363%	0.00647%	0.00647%	52.51%	0/0	0/0	0/0	2.814	15983	139	86.48	-	2.860	86.48		
		F43F		LP1PC15359			Dabney et al. (2013)	shotgun	sin adapter - eliminado	1493140	1493	1493	107	107	/	0.01375%	0.01375%	0.00643%	0.00643%	59.07%	0/0	0/0	0/0	1.170	15863	107	86.51	eliminado	95.74%	1.272	86.51	
33	F44	F44	CNP ABI_019-1	MAK1C1541	<200	Diente (molar)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		2467792	227	227	222	222	/	0.00920%	0.00920%	0.00900%	0.00900%	2.20%	0/0	0/0	0/0	0.98	10724	222	86.47	-	1.723	86.47		
		F44a		LP1PC15359			Rohland and Hofreiter (2007)	mit captaura		3145056	891420	891332	45301	45301	/	14.48601%	14.48622%	0.67960%	0.67960%	97.38%	0/0	0/0	0/0	114.823	16599	45301	101.36	-	144.602	101		
		F44b		LP1PC15355			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun	Dig5a2a1	4084798	391647	391559	25322	25322	/	14.54889%	14.63440%	0.41947%	0.41947%	97.24%	0/0	0/0	0/0	150.781	16599	25322	101.13	1-16509	146.803	101.13		
34	F45	F45	CNP ABI_019-8	LP1PC15327	270460	Hueso (metatarsal)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		1493767	2463	2463	2256	2256	/	0.01274%	0.01274%	0.03011%	0.03011%	8.07%	0/0	0/0	0/0	11.015	16546	2256	80.89	-	10.836	80.89		
		F45a		LP1PC15325			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		542211	1845	1845	990	988	/	0.02923%	0.02923%	0.02786%	0.02786%	9.26%	0/0	0/0	0/0	1.269	16428	988	84.37	-	1.319	84		
		F45b		LP1PC15327			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun	Dig5	11033188	3498	3498	3174	3174	/	0.03170%	0.03170%	0.02877%	0.02877%	9.26%	0/0	0/0	0/0	15.973	16550	3174	83.38	3-16552	15.992	83.38		
35	F46	F46	CNP ABI_030	LP1PC15336	<200	Diente (premaxilar)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		2401931	0	0	0	0	/	0.00191%	0.00191%	0.00019%	0.00019%	0.001%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		F46a		CNP ABI_072	MAK1C15442	690x50	Hueso (fémur)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		7208980	14	14	14	14	/	0.00019%	0.00019%	0.00019%	0.00019%	0.001%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0
		F46b		LP1PC15311			Rohland and Hofreiter (2007)	mit captaura		3545220	8306	8306	2539	2539	/	0.21877%	0.21877%	0.07082%	0.07082%	69.43%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
36	F48	F48	CNP ABI_057-1	MP1C15310	1/0	Hueso (fémur)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		10794110	8320	8320	2549	2549	/	0.07708%	0.07708%	0.02361%	0.02361%	69.36%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
		F48a		LP1PC15343			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun	Dig5a2a1	8666676	142	142	90	90	/	0.00162%	0.00162%	0.00137%	0.00137%	69.62%	0/0	0/0	0/0	0.340	4933	90	82.58	-	1.162	82.58		
		F48b		LP1PC15348			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		1781459	38	38	33	33	/	0.00213%	0.00213%	0.00180%	0.00180%	15.79%	0/0	0/0	0/0	0.130	2054	33	87.31	-	1.047	87.31		
		F48c		LP1PC15347			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		843888	95	95	87	87	/	0.00268%	0.00268%	0.00149%	0.00149%	29.47%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		F48d		LP1PC15357			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun	sin adapter - eliminado	1292023	225	225	128	128	/	0.00212%	0.00212%	0.00099%	0.00099%	53.46%	0/0	0/0	0/0	0.487	8933	128	83.69	eliminado	40.03%	1.212	83.69	
37	F50	F50	CNP ABI_078-2	MAK1C1548	Asoc. 1330x150	Hueso (cráneo, temporal)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		7790976	2637	2637	2368	2368	/	0.03273%	0.03273%	0.03055%	0.03055%	8.66%	0/0	0/0	0/0	11.809	16534	2368	82.62	0-8287, 8289-10489, 10502-16558	99.79%	11.432	82.62	
		F50a		LP1PC15318			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		3679249	41	41	29	29	/	0.00153%	0.00153%	0.00080%	0.00080%	29.27%	0/0	0/0	0/0	0.159	2529	29	90.83	-	1.076	90.83		
		F50b		LP1PC15354			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		923	0	0	0	0	/	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
38	F51	F51	CNP ABI_033	LP1PC15327	>1000	Hueso (metatarsal)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		4135222	808	808	570	570	/	0.01403%	0.01403%	0.01320%	0.01320%	9.34%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		F51a		LP1PC15304			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		1707209	10262	10262	10431	10428	/	98.50340%	98.49654%	0.61170%	0.61170%	81.112%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		F51b		LP1PC15327			Rohland and Hofreiter (2007)	mit captaura		6037772	923064	923064	10722	10722	/	10.34342%	10.34095%	0.17799%	0.17799%	88.28%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
39	F52	F52	CNP ABI_078-2	MAK1C1548	Asoc. 1330x150	Hueso (cráneo, temporal)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		2931625	55	55	24	24	/	0.00187%	0.00187%	0.00087%	0.00087%	36.36%	0/0	0/0	0/0	0.109	1699	24	75.38	-	1.061	75.38		
		F52a		LP1PC15313			Rohland and Hofreiter (2007)	mit captaura		82	0	0	0	0	/	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		F52b		LP1PC15323			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		322720	1	1	1	1	/	0.00003%	0.00003%	0.00003%	0.00003%	0.00%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
40	G53	G53	CNP ABI_033	LP1PC15327	>1000	Hueso (metatarsal)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		401480	3	3	3	3	/	0.00007%	0.00007%	0.00007%	0.00007%	0.00%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		G53a		LP1PC15304			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		74	0	0	0	0	/	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		G53b		LP1PC15325			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		1824188	218149	218159	6032	6032	/	20.81483%	20.80624%	0.57555%	0.57555%	97.21%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
41	G54	G54	CNP ABI_034	LP1PC15326	2920490	Hueso largo (L4)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		3890433	1634	1634	1479	1479	/	0.01200%	0.01200%	0.03802%	0.03802%	9.49%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		G54a		LP1PC15348			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		1315756	394	394	586	586	/	0.01950%	0.01950%	0.01741%	0.01741%	5.26%	0/0	0/0	0/0	0.98	9399	586	92.81	-	1.000	92.81		
		G54b		LP1PC15348			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		3242168	2188	2188	1910	1910	/	0.04136%	0.04136%	0.03644%	0.03644%	11.90%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
42	G55	G55	CNP ABI_059-6	LP1PC15323	Asoc. 300x150 y 250x70	Hueso (cubito)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		880939	0	0	0	0	/	0.00019%	0.00019%	0.00019%	0.00019%	0.00%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		G55a		LP1PC15305			Rohland and Hofreiter (2007)	mit captaura		1124209	4	4	4	4	/	0.00019%	0.00019%	0.00019%	0.00019%	0.00%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		G55b		LP1PC15324			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		401480	3	3	3	3	/	0.00007%	0.00007%	0.00007%	0.00007%	0.00%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
43	G57	G57	CNP ABI_09-13	MP1C15307	1600460	Diente (premaxilar)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		94	0	0	0	0	/	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		G57a		LP1PC15319			Rohland and Hofreiter (2007)	mit captaura		1048046	218149	218159	6032	6032	/	20.81483%	20.80624%	0.57555%	0.57555%	97.21%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
		G57b		LP1PC15325			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		3890433	1634	1634	1479	1479	/	0.01200%	0.01200%	0.03802%	0.03802%	9.49%	0/0	0/0	0/0	0	0	0	0	0	0	0	0	
44	G58	G58	CNP ABI_080	LP1PC15325	>1000	Hueso (metatarsal)	Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		1315756	394	394	586	586	/	0.01950%	0.01950%	0.01741%	0.01741%	5.26%	0/0	0/0	0/0	0.98	9399	586	92.81	-	1.000	92.81		
		G58a		LP1PC15348			Rohland and Hofreiter (2007)	shotgun		3242168	2188	2188	1910	1910	/	0.04136%	0.04136%	0.03644%	0.03644%	11.90%	0/0	0/0	0/0	0	0							

Tabla S3. Resumen de los individuos que pasaron los parámetros de verificación de ADN antiguo. Se incluye los individuos analizados por Parolin et al. (en preparación)

Recuento	ID Lab	ID arqueológico	Material procesado	Sitio arqueológico	Microrregión	datación 14C AP	Temporalidad (1)	ADNmt rangos cubiertos	Haplogrep calidad (%)	Posiciones cubiertas (±1)	mtDNA profundidad	Endógeno ADNmt (%)	Endógeno nuclear (%)	Contaminación promedio	Patrón de daño	ADNmt clado	Referencia	
1	A01cm	CNP_ABI_070-A1	Diente (molar)	Cerro Avanzado 1	Transición	Asoc.2990±60	Holoceno tardío inicial	0-16569	96,3%	16564	59,241	0,04%	0,2098%	2%	SI	D1g	Este estudio	
2	A02cm	CNP_ABI_070-A2	Diente (incisivo)	Cerro Avanzado 1	Transición	Asoc.2990±60	Holoceno tardío inicial	1-16569	94,9%	16569	94,858	0,10%	3,4987%	1%	SI	D1g	Este estudio	
3	A03m	CNP_ABI_PF_21	Diente (premolar)	Riacho San José (Punta Mejillón)	Península Valdés	2410±70	Holoceno tardío inicial	1-5081; 5093-10023; 10043-10473; 10523-16564	94,8%	16485	17,899	0,02%	0,3841%	1%	SI	D1x	Este estudio	
4	A04cm	CNP_ABI_061	Diente (premolar)	Chacra 192	VIRCH	1390±80	Holoceno tardío final	1-16568	94,0%	16568	79,776	0,16%	20,1116%	1%	SI	C1b32	Este estudio	
5	A05cm	CNP_ABI_060-A1	Diente (premolar)	Chacra 376	VIRCH	Asoc.1900±90	Holoceno tardío final	4-16565	94,5%	16564	33,358	0,04%	0,6664%	1%	SI	D1u	Este estudio	
6	A06m	CNP_ABI_060-A2	Diente (premolar)	Chacra 376	VIRCH	Asoc.1900±90	Holoceno tardío final	0-194; 219-284; 286-5056; 5118-10004; 10030-10506; 10594-16569	89,0%	16361	12,630	0,01%	8,4470%	1%	SI	C1b32	Este estudio	
7	A07m	CNP_ABI_078-1	Diente (premolar)	Pirámide 3	Península Valdés	1530±50	Holoceno tardío final	1-16562	96,0%	16562	22,090	0,03%	14,0520%	1%	SI	D1g5a1	Este estudio	
8	B09cm	CNP_ABI_021-S1	Diente (molar)	5 Esquinas - sitio 1	VIRCH	500-1000	Holoceno tardío final (com per. Soledad)	1-16569	93,7%	16569	173,117	0,14%	2,8830%	1%	SI	C1b35	Este estudio	
9	B10m	CNP_ABI_021-S2	Diente (molar)	5 Esquinas - sitio 1	VIRCH	500-1000	Holoceno tardío final	2-16560	93,4%	16559	12,916	0,03%	6,0820%	2%	SI	D1g5a1a	Este estudio	
10	B14Dm	CNP_ABI_FB-01	Diente (premolar)	Cabo dos Bahías	SEP (Sureste de la provincia)	2200±80	Holoceno tardío inicial	3-299; 332-16562	95,0%	16528	8,882	0,03%	32,4200%	1%	SI	C1c11	Este estudio	
11	B15m	CNP_ABI_FB-03	Diente (molar)	Cabo dos Bahías	SEP (Sureste de la provincia)	2070±80	Holoceno tardío inicial	3-292; 306-16569	92,1%	16554	31,004	0,03%	20,2560%	1%	SI	C1c11	Este estudio	
12	B16cm	CNP_ABI_FB-05	Diente (premolar)	Cabo dos Bahías	SEP (Sureste de la provincia)	2123±23	Holoceno tardío inicial	1-16568	93,4%	16568	128,226	0,06%	19,4210%	1%	SI	D1g5b	Este estudio	
13	C17m	CNP_ABI_021-S8	Hueso (cráneo, temporal)	5 Esquinas - sitio 1	VIRCH	500-1000	Holoceno tardío final	1-16569	93,4%	16569	43,527	0,07%	68,2980%	1%	SI	D1g7a	Este estudio	
14	C22	CNP_ABI_021-S36	Diente (premolar)	5 Esquinas - sitio 1	VIRCH	500-1000	Holoceno tardío final	1-3569; 3589-8274; 8281-16186; 16197-16554	82,6%	16519	11,002	0,05%	37,0854%	1%	SI	B2ak1b2	Este estudio	
15	C23D	CNP_ABI_FB-02	Hueso (clavicula)	Cabo dos Bahías	SEP (Sureste de la provincia)	2143±23	Holoceno tardío inicial	0-4291; 4295-10094; 10098-10599; 10612-10949; 10956-16562	91,2%	16529	9,008	0,02%	36,5917%	1%	SI	D1g5	Este estudio	
16	C24-2cm	CNP_ABI_FB-04	Hueso (metatarsal)	Cabo dos Bahías	SEP (Sureste de la provincia)	2290±70	Holoceno tardío inicial	2-16569	88,5%	16568	73,699	0,05%	4,2984%	1%	SI	C1c11g1a	Este estudio	
17	C25Dm	CNP_ABI_021-S31+5	Hueso (cráneo, s/e)	5 Esquinas - sitio 1	VIRCH	500-1000	Holoceno tardío final	0-10464; 10480-16569	93,4%	16538	10,255	0,03%	21,5734%	1%	SI	D1g7a	Este estudio	
18	D26cm	CNP_ABI_007	Hueso (cráneo, temporal)	Gastre	Meseta	Asoc. 350±50	Holoceno tardío final	1-16569	99,0%	16569	170,624	0,18%	10,9742%	2%	SI	D1g5a2a	Este estudio	
19	D28c	CNP_ABI_PF_19	Hueso (radio)	Piedra Parada - sitio 2 (Expte 377/06)	Meseta	1100±50	Holoceno tardío final	0-316; 343-1946; 2010-2121; 2141-5642; 5725-6096; 6148-7406; 7409-8916; 8943-9178; 9191-10103; 10109-10491; 10495-13127; 13130-14670; 14758-15988; 15993-16567	90,7%	16179	4,848	0,04%	0,0491%	1%	SI	C1b35	Este estudio	
20	D33cm	CNP_ABI_014	Hueso (escápula)	Playa del Pozo	Transición	1540±50	Holoceno tardío final	3-281; 296-10938; 10946-13748; 13755-16560	89,2%	16531	7,103	0,03%	0,3647%	1%	SI	C1c11	Este estudio	
21	D34cm	CNP_ABI_046	Diente (canino)	Pirámide 1	Península Valdés	1200±70	Holoceno tardío final	2-16562	91,4%	16561	49,609	0,11%	0,0635%	2%	SI	C1b33	Este estudio	
22	E38cm	CNP_ABI_050	Hueso (metacarpal)	El Doradillo 1 (horno ladrillos)	Transición	370±50	Holoceno tardío final	3-16565	97,8%	16563	48,598	0,09%	35,1039%	1%	SI	D1g5a2	Este estudio	
23	E39cm	CNP_ABI_019-3	Diente (premolar)	Rawson	VIRCH	270±60	Holoceno tardío final	1-16559	97,8%	16564	19,773	0,03%	0,3008%	2%	SI	D1g5a	Este estudio	
24	E40cm	CNP_ABI_019-2	Diente (molar)	Rawson	VIRCH	Asoc.±200	Post-contacto	1-16568	94,6%	16568	89,340	0,12%	13,0290%	2%	SI	D1g5a1a	Este estudio	
25	E41c	CNP_ABI_076	Hueso (falange)	Médano Grande 3	Transición	2430±80 (LP-3281)	Holoceno tardío inicial	0-248; 329-420; 465-623; 632-828; 847-1574; 1609-1943; 1967-3757; 3776-4140; 4145-4208; 4218-4737; 4816-5208; 5225-5957; 5992-6728; 6736-7371; 7397-7532; 7535-7890; 7900-8048; 8051-8931; 8951-9039; 9068-10360; 10373-10439; 10542-11237; 11304-11819; 11874-13090 13100-15022; 15049-16554;	60,6%	15807	3,118	0,02%	0,3879%	2%	SI	C1c11g	Este estudio	
26	F44cm	CNP_ABI_019-1	Diente (molar)	Rawson	VIRCH	±200	Post-contacto	1-16569	99,2%	16569	155,781	0,42%	1,7300%	2%	SI	D1g5a2a1	Este estudio	
27	F45m	CNP_ABI_019-8	Hueso (metatarsal)	Rawson	VIRCH	270±60	Holoceno tardío final	3-16552	94,0%	16550	15,973	0,03%	42,8546%	1%	SI	D1g5	Este estudio	
28	F49cm	CNP_ABI_072	Hueso (tibia)	Bryn Gwyn	VIRCH	690±50	Holoceno tardío final	0-16541	99,2%	16535	12,331	0,02%	0,1189%	1%	SI	D1g5a2a1	Este estudio	
29	F51	CNP_ABI_078-2	Hueso (cráneo, temporal)	Pirámide 3	Península Valdés	Asoc.1530±50	Holoceno tardío final	0-8287; 8295-10489; 10502-16558	85,5%	16534	11,809	0,03%	25,5917%	2%	SI	B2ak1	Este estudio	
30	G53cm	CNP_ABI_033	Hueso (metatarsal)	Chacra 275	VIRCH	>1000	Holoceno tardío inicial (com per. Soledad)	1-16566	94,7%	16566	60,655	0,18%	19,4674%	1%	SI	C1b35	Este estudio	
31	G57c	CNP_ABI_PF_14	Diente (premolar)	Chacra 247	VIRCH	1600±60	Holoceno tardío final	2-16185; 16187-16561	80,8%	16559	28,065	0,58%	0,5256%	2%	SI	B2b15	Este estudio	
32	G58m	CNP_ABI_080	Hueso (metatarsal)	Chacra de Lagos	VIRCH	>1000	Holoceno tardío final (com per. Soledad)	0-8271; 8278-16561	79,8%	16541	10,737	0,04%	33,0462%	1%	SI	B2ak1b1	Este estudio	
33	G61c	CNP_ABI_090-A1	Diente (molar)	Estancia Valdés	Península Valdés	s/d	s/d	1-16564	100,0%	16564	38,590	0,14%	s/d - cap. mit. directa	1%	SI	D1g	Este estudio	
-	AEH141	CNP_ABI_047	Hueso (metatarsal)	Chacra 375	VIRCH	6070±80	Holoceno medio (HM)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C1b35	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH142	CNP_ABI_043	Diente (incisivo)	Punta Cuevas 2	Transición	2640±50	Holoceno tardío inicial	-	-	-	-	-	-	-	-	-	B2ak1a	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH143	CNP_ABI_018	Diente (molar)	Calle Tehuelches	Transición	2410±50	Holoceno tardío inicial	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C1c11g1	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH144	CNP_ABI_032	Hueso (ulna)	Punta Delgada 1	Península Valdés	2010±50	Holoceno tardío inicial	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C1c11	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH145	CNP_ABI_020	Diente (molar)	El Elsa	VIRCH	1990±60	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	D1g7	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH146	CNP_ABI_026	Hueso (tarsal)	Loma Grande - sitio 2 (Chacra 151)	VIRCH	1400±60	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	B2b16a	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH148	CNP_ABI_022	Diente (molar)	BonLe	Transición	1400±60	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	B2ak1b1	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH150	CNP_ABI_037	Diente (molar)	Los Lobos	VIRCH	1090±70	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C1b35	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH151	CNP_ABI_002	Diente (molar)	Punta León	Transición	1050±50	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	D1g5	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH152	CNP_ABI_015	Diente (incisivo)	La Axcuena	Península Valdés	880±50	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	D1g5a1a	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH153	CNP_ABI_016	Diente (molar)	La Axcuena	Península Valdés	Asoc.880±50	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	B2ak1b1	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH154	CNP_ABI_001-2	Diente (molar)	El Goffito 2	Transición	770±50	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	D1g5a2a	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH156	CNP_ABI_013	Diente (molar)	Calle Villarino	Transición	550±60	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	D1g5a2a1	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH158	CNP_ABI_006	Diente (incisivo)	Gastre	Meseta	350±50	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	D1g5	Parolin et al., (en preparación)
-	AEH159	CNP_ABI_039-1	Diente (canino)	Playa Unión, Barranca Norte	VIRCH	310±70	Holoceno tardío final	-	-	-	-	-	-	-	-	-	D1g5	Parolin et al., (en preparación)

(1) La división temporal fue tomada de Gómez Otero y Svoboda (2022) no incluido

Tabla S4. Mitogenomas de individuos antiguos y contemporáneos incluidos en las respectivas redes de haplotipos y árboles filogenéticos

Clado	Recuento Network	Árbol #	BEAST	ID Muestra	País, región o sub-región	País	Provincia	Sitio arqueológico o localidad	Temporalidad (1)	Datación 14C AP	mtDNA Clado	Referencia	
B2	1	1	si	VA41	Noroeste Argentino	Argentina	Santiago del Estero	Villa Atamisqui	contemporáneo	n.c.	B2b15a	García et al. (2021)	
	2	2	si	KP172340	Noreste Argentina	Argentina	Chaco	sin especificar	contemporáneo	n.c.	B2b15a	Sevini et al. (2014) GenBank	
	3	3	si	KP172324	Noreste Argentina	Argentina	Chaco	sin especificar	contemporáneo	n.c.	B2b15a	Sevini et al. (2014) GenBank	
	4	4	si	G57	Patagonia central	Argentina	Chubut	Chacra 247	HTF	1690±60	B2b15	Este estudio	
	5	5	si	AEH146	Patagonia central	Argentina	Chubut	Loma Grande - sitio 2 (Chacra 151)	HTF	1400±60	B2b16a	Parolin et al. (en preparación)	
	6	6	si	G214	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Mar Chiquita 1	HTF	910 ± 50, Asoc. 661M	B2b16a	Motti et al. (2023)	
	7	7	si	701M	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	El Guanaco 1	HTI	2460 ± 60	B2b16a	Motti et al. (2023)	
	8	8	si	711M	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	El Guanaco 1	HTI	Asoc. 681M, 691M y 701M	B2b16a	Motti et al. (2023)	
	9	9	si	LCH.E2-12.1/18348	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Laguna Chica	HM	6080 ± 15	B2b16	Posth et al. (2018); Roca-Rada et al. (2021)	
	10	10	si	SRC13	Cuyo	Argentina	San Luis	Santa Rosa del Conlara	contemporáneo	n.c.	B2b	García et al. (2021)	
	11	11	si	105	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Loma Bola, San Javier	HTF	954 ± 85	B2ak	García et al. (2021)	
	12	12	si	199	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Alpa Corral, Río Cuarto	HM	4450 ± 80	B2ak1	García et al. (2021)	
	13	13	si	RC80	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Río Cuarto	contemporáneo	n.c.	B2ak1	García et al. (2021)	
	14	14	si	VDO5	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Villa Dolores	contemporáneo	n.c.	B2ak1	García et al. (2021)	
	15	15	si	JOV3	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Jovita	contemporáneo	n.c.	B2ak1	García et al. (2021)	
	16	16	si	F51	Patagonia central	Argentina	Chubut	Pirámide 3	HTF	Asoc.1530±50	B2ak1	Este estudio	
	17	17	si	AEH142	Patagonia central	Argentina	Chubut	Punta Cuevas 2	HTI	2640±50	B2ak1a	Parolin et al. (en preparación)	
	18	18	si	104	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	El Vado, Punilla	HTI	2156 ± 86	B2ak1a	García et al. (2021)	
	19	19	si	98	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Rosca Yaco	HTF	705 ± 131	B2ak1a	García et al. (2021)	
	20	20	si	151	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Loteo 5, Santa Rosa de Calamuchita	HTF	533 ± 42	B2ak1a	García et al. (2021)	
	21	21	si	153	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Loteo 5, Santa Rosa de Calamuchita	HTF	533 ± 42, Asoc. 151	B2ak1a	García et al. (2021)	
	22	22	si	34	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Potrero de Garay	HTF	995 ± 161	B2ak1a	García et al. (2021)	
	23	23	si	691M	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	El Guanaco 1	HTI	2280 ± 30	B2ak1a	Motti et al. (2023)	
	24	24	si	AEH148	Patagonia central	Argentina	Chubut	BonLe	HTF	1400±60	B2ak1b1	Parolin et al. (en preparación)	
	25	25	si	G58	Patagonia central	Argentina	Chubut	Chacra de Lagos	HTF	>1000	B2ak1b1	Este estudio	
	26	26	si	AEH153	Patagonia central	Argentina	Chubut	La Azucena	HTF	Asoc.880±50	B2ak1b1	Parolin et al. (en preparación)	
	27	27	si	C22	Patagonia central	Argentina	Chubut	5 Esquinas - sitio 1	HTF	500-1000	B2ak1b2	Este estudio	
	28	28	si	721M	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	El Guanaco 1	HTI	Asoc. 681M, 691M y 701M	B2ak1b2	Motti et al. (2023)	
	29	no incluido	si	ARN083	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	B212a	Bobbilo et al. (2010)	
	30	no incluido	si	ARN086	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	B212a1	Bobbilo et al. (2010)	
	31	no incluido	si	ARN109	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	B212b	Bobbilo et al. (2010)	
	32	no incluido	si	Mco34	Patagonia norte	Argentina	Neuquén	sin especificar	contemporáneo	n.c.	B212a	de Saint Pierre, Gandini et al. (2012)	
	33	no incluido	si	Mco32	Patagonia norte	Argentina	Neuquén	sin especificar	contemporáneo	n.c.	B212a	de Saint Pierre, Gandini et al. (2012)	
	34	no incluido	si	D04	Patagonia central - Archipiélago Chile	Chile	Isla de Chiloé	Detif, Isla Grande de Chiloé	contemporáneo	n.c.	B212	de Saint Pierre, Gandini et al. (2012)	
	35	no incluido	si	CA007	Patagonia central - Archipiélago Chile	Chile	Isla de Chiloé	Caremapu, Isla Grande de Chiloé	contemporáneo	n.c.	B212a	de Saint Pierre, Gandini et al. (2012)	
	36	no incluido	si	CA012	Patagonia central - Archipiélago Chile	Chile	Isla de Chiloé	Caremapu, Isla Grande de Chiloé	contemporáneo	n.c.	B212a	de Saint Pierre, Gandini et al. (2012)	
	37	no incluido	si	CA028	Patagonia central - Archipiélago Chile	Chile	Isla de Chiloé	Caremapu, Isla Grande de Chiloé	contemporáneo	n.c.	B212b	de Saint Pierre, Gandini et al. (2012)	
	38	no incluido	si	CA046	Patagonia central - Archipiélago Chile	Chile	Isla de Chiloé	Caremapu, Isla Grande de Chiloé	contemporáneo	n.c.	B212b	de Saint Pierre, Gandini et al. (2012)	
	39	no incluido	si	H05	Patagonia norte - Chile	Chile	Región X Los Lagos, Osorno	San Juan de la Costa	contemporáneo	n.c.	B212b1	de Saint Pierre, Gandini et al. (2012)	
	40	no incluido	si	LP488	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	La Para	contemporáneo	n.c.	B2	García et al. (2021)	
	C1b	1	1	si	I2232/ASO_S49	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	7612±53	C1b	Posth et al. (2018); Roca-Rada et al. (2021)
		2	2	si	I8349/LCH.E2-11.2	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Laguna Chica	HM	5930±15	C1b	Posth et al. (2018); Roca-Rada et al. (2021)
		3	3	si	ASO_B10_S17	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	~7000±80 - Asoc.I7086_AS0B10S15	C1b	Roca-Rada et al. (2021)
		4	4	si	681M/OP605618	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	El Guanaco 1	HTI	2470 ± 60	C1b	Motti et al. (2023)
5		5	si	I11974	norte de Chile	Chile	Norte Chico, Coquimbo	Los Rieles	HM	9815±30	C1b	Posth et al. (2018)	
6		6	si	I1753	norte de Chile	Chile	Norte Chico, Coquimbo	Los Rieles	HM	4680±25	C1b	Posth et al. (2018)	
7		7	si	I21	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	El Diquecito, Laguna Mar Chiquita	HTI	2400 ± 47	C1b	García et al. (2021)	
8		8	si	I26	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	El Diquecito, Laguna Mar Chiquita	HTI	2331 ± 46	C1b	García et al. (2021)	
9		9	si	A04	Patagonia central	Argentina	Chubut	Chacra 192	HTF	1390±80	C1b32	Este estudio	
10		10	si	A06	Patagonia central	Argentina	Chubut	Chacra 376	HTF	Asoc.1900±90	C1b32	Este estudio	
11		11	si	LC36	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	La Carlota	contemporáneo	n.c.	C1b19a	García et al. (2021)	
12		12	si	KP172345	Gran Chaco	Argentina	s/d	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1b19a	Sevini et al. (2014) GenBank	
13		13	si	M3	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Cordoba capital	contemporáneo	n.c.	C1b19a1	García et al. (2021)	
14		14	si	M45	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Cordoba capital	contemporáneo	n.c.	C1b19a1	García et al. (2021)	
15		15	si	KP172357	Noreste Argentina	Argentina	Chaco	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1b19b	Sevini et al. (2014) GenBank	
16		16	si	KP172353	Noreste Argentina	Argentina	Chaco	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1b19b	Sevini et al. (2014) GenBank	
17		17	si	KP172383	Noreste Argentina	Argentina	Chaco	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1b19b	Sevini et al. (2014) GenBank	
18		18	si	D34	Patagonia central	Argentina	Chubut	Pirámide 1	HTF	1200±70	C1b33	Este estudio	
19		19	si	661M/OP605616	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Mar Chiquita 1	HTF	910 ± 50	C1b33	Motti et al. (2023)	
20		20	si	I2241	Patagonia Insular	Argentina	Chisla Grande Tierra del Fuego	Canal de Beagle	HTF	555±20	C1b34a	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)	
21		21	si	I12355	Patagonia Insular	Argentina	Chisla Grande Tierra del Fuego	Canal de Beagle	HTF	1975±25	C1b34a	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)	
22		22	si	I12943	Patagonia Insular	Argentina	Chisla Grande Tierra del Fuego	Canal de Beagle	HTF	570±20	C1b34a	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)	
23		23	si	895	Patagonia Insular	Argentina	Chisla Grande Tierra del Fuego	Canal de Beagle	Post-contacto	~100*	C1b34a	Raghavan et al. (2015)	
24		24	si	IPK12	Patagonia sur	Chile	Estrecho de Magallanes	Oeste del Archipiélago / Punta Santa Mar	HTF	1000±30	C1b34	de la Fuente et al. (2018)	
25		25	si	I12358	Patagonia Insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Península Mitre	HTF	820±40	C1b34b	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)	
26		26	si	IPY10	Patagonia Insular	Argentina	Chisla Grande Tierra del Fuego	Canal de Beagle/Puerto Williams	HTF	910±30	C1b34b1	de la Fuente et al. (2018)	
27		27	si	I12359	Patagonia Insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Península Mitre	HTF	870±20	C1b34b1	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)	
28		28	si	I12942	Patagonia Insular	Argentina	Chisla Grande Tierra del Fuego	Canal de Beagle	HTF	490±25	C1b34b1	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)	
29		29	si	AEH141	Patagonia central	Argentina	Chubut	Loma Grande	HM	6070±80	C1b35	Parolin et al. (en preparación)	
30		30	si	AEH150	Patagonia central	Argentina	Chubut	Los Lobos	HTF	1090±70	C1b35	Parolin et al. (en preparación)	
31		31	si	B09	Patagonia central	Argentina	Chubut	5 Esquinas - sitio 1	HTF	500-1000	C1b35	Este estudio	
32		32	si	G53	Patagonia central	Argentina	Chubut	Chacra 275	HTI	>1000	C1b35	Este estudio	
33		33	si	D28	Patagonia central	Argentina	Chubut	Piedra Parada - sitio 2 (Expte 377/06)	HTF	1100±50	C1b35	Este estudio	
34		34	si	I2230/ASO_B27_S36	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	7805±85	C1b36	Posth et al. (2018); Roca-Rada et al. (2021)	
35		35	si	ASO_B3_S7	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	7043±82	C1b36	Roca-Rada et al. (2021)	
36		36	si	ASO_B24_S31	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	7615±90	C1b36	Roca-Rada et al. (2021)	
37		no incluido	si	JX669316	Andes central	Peru	Lima	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1b3a	Tito et al. (2012) GenBank	
38		no incluido	si	KP172351	Gran Chaco	Argentina	s/d	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1b3a	Sevini et al. (2014) GenBank	
39		no incluido	no	DQ282464	América del Norte	USA	s/d	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1b3	Just et al. (2008)	
40		no incluido	si	MGS71154	Andes central	Peru	Chachapoyas, Quechua	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1b3	Barbieri et al. (2017)	
41		no incluido	si	CA21	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Cruz Alta	contemporáneo	n.c.	C1b3a1	García et al. (2021)	
42		no incluido	si	V5036	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Villa de Soto	contemporáneo	n.c.	C1b3a1	García et al. (2021)	
43		no incluido	si	LTM39	Cuyo	Argentina	San Luis	La Toma	contemporáneo	n.c.	C1b3a	García et al. (2021)	
44		no incluido	si	KP172376	Gran Chaco	Argentina	s/d	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1b3a	Sevini et al. (2014) GenBank	

Tabla S4. Mitogenomas de individuos antiguos y contemporáneos incluidos en las respectivas redes de haplotipos y árboles filogenéticos (CONTINUACIÓN)

Clado	Recuento Network	Árbol #	BEAST	ID Muestra	País, región o sub-región	País	Provincia	Sitio arqueológico o localidad	Temporalidad (1)	Datación 14C AP	mtDNA Clado	Referencia
C1c	1	1	si	E41	Patagonia central	Argentina	Chubut	Médano Grande 3	HTI	2430±80	C1c1g	Este estudio
	2	2	si	AEH143	Patagonia central	Argentina	Chubut	Calle Tehuelche	HTI	2410±50	C1c1g1	Parolin et al. (en preparación)
	3	3	si	I12365	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Norte de Tierra del Fuego	HTF	960±20	C1c1g1a	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	4	4	si	C24-2	Patagonia central	Argentina	Chubut	Cabo dos Bahías	HTI	2290±70	C1c1g1a	Este estudio
	5	5	si	B14	Patagonia central	Argentina	Chubut	Cabo dos Bahías	HTI	2200±80	C1c11	Este estudio
	6	6	si	B15	Patagonia central	Argentina	Chubut	Cabo dos Bahías	HTI	2070±50	C1c11	Este estudio
	7	7	si	AEH144	Patagonia central	Argentina	Chubut	Punta Delgada	HTI	2010±50	C1c11	Parolin et al. (en preparación)
	8	8	si	D33	Patagonia central	Argentina	Chubut	Playa del Pozo	HTF	1540±50	C1c11	Este estudio
	9	9	si	ASO_B1_S1	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	~6300±70**Asoc.11748_ASOB153	C1c11	Roca-Rada et al. (2021)
	10	10	si	ASO_B13_S20	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	7615±90 -Asoc. Invld 824_S31	C1c11	Roca-Rada et al. (2021)
	11	11	si	I1748/ASO_B1_S3	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	6300±70	C1c11	Posth et al. (2018); Roca-Rada et al. (2021)
	12	12	si	I12362	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Norte de Tierra del Fuego	HM	5205±58	C1c11	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	13	13	si	LTM31	Cuyo	Argentina	San Luis	La Toma	contemporáneo	n.c.	C1c	García et al. (2021)
	14	14	si	SRC11	Cuyo	Argentina	San Luis	Santa Rosa del Conlara	contemporáneo	n.c.	C1c10	García et al. (2021)
	15	15	si	LTM48	Cuyo	Argentina	San Luis	La Toma	contemporáneo	n.c.	C1c10	García et al. (2021)
	16	16	si	JOV2	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Jovita	contemporáneo	n.c.	C1c9a	García et al. (2021)
	17	17	si	JOV20	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Jovita	contemporáneo	n.c.	C1c9a	García et al. (2021)
	18	18	si	KP172354	Gran Chaco	Argentina	Gran Chaco	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1c9a	Sevini et al. (2014) GenBank
	19	19	si	KP172346	Gran Chaco	Argentina	Gran Chaco	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1c9a	Sevini et al. (2014) GenBank
	20	20	si	KP172347	Gran Chaco	Argentina	Gran Chaco	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1c9a	Sevini et al. (2014) GenBank
	21	21	no	NA19732	USA	USA	Los Angeles (Mexicano-Améri)	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1c9b	Zheng et al. (2012)
	22	22	no	DQ112888#	México	México	Maya	sin especificar	contemporáneo	n.c.	C1c9b	Kivisild et al. (2006)
D1	1	1	si	A05cm	Patagonia central	Argentina	Chubut	Chacra 376	HTF	Asoc.1900±90	D1u	Este estudio
	2	2	si	I0309/ASO_B9_S14a	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	6838 ± 73	D1u	Llamas et al. (2016); Posth et al. (2018); Roca-Rada et al. (2021)
	3	3	si	A01cm	Patagonia central	Argentina	Chubut	Cerro Avanzado 1	HTI	Asoc.2990±60	D1g	Este estudio
	4	4	si	A02cm	Patagonia central	Argentina	Chubut	Cerro Avanzado 1	HTI	Asoc.2990±60	D1g	Este estudio
	5	5	si	A03m	Patagonia central	Argentina	Chubut	Riacho San José (Punta Mejillón)	HTI	2410±70	D1g	Este estudio
	6	6	si	G61cm	Patagonia central	Argentina	Chubut	Estancia Valdeís	s/d	s/d	D1g	Este estudio
	7	7	si	IPV08	Patagonia insular	Argentina	Chubut	Canal de Beagle	s/d	s/d	D1g+16189	de la Fuente et al. (2018)
	8	8	si	I12356	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Península Mitre	HTF	650±20	D1g+16189	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	9	9	si	ARN093	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	D1g1a1	Bodner et al. (2012)
	10	10	si	ARN128	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	D1g1a1	Bodner et al. (2012)
	11	11	si	H11	Patagonia norte - Chile	Chile	Región X Los Lagos, Osorno	San Juan de la Costa	contemporáneo	n.c.	D1g1a2	Rieux et al. (2014)
	12	12	si	ACH363	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	D1g1a2	Bodner et al. (2012)
	13	13	si	ARN099	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	D1g1a2	Bodner et al. (2012)
	14	14	si	I12354	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Norte Archipiélago	HTF	520±30	D1g1	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	15	15	si	I7086/ASO_B10_S15	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	HM	7000±80	D1g+55	Posth et al. (2018); Roca-Rada et al. (2021)
	16	16	si	C230	Patagonia central	Argentina	Chubut	Cabo dos Bahías	HTI	2143±23	D1g5	Este estudio
	17	17	si	I45m	Patagonia central	Argentina	Chubut	Rawson	HTF	270±50	D1g5	Este estudio
	18	18	si	AEH158	Patagonia central	Argentina	Chubut	Gastre	HTF	350±50	D1g5	Parolin et al. (en preparación)
	19	19	si	AEH159	Patagonia central	Argentina	Chubut	Barranca Norte	HTF	310±70	D1g5	Parolin et al. (en preparación)
	20	20	si	I8575	Patagonia sur	Chile	Estrecho de Magallanes	Cerro Johnny	HTF	428±46	D1g5	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	21	21	si	A07m	Patagonia central	Argentina	Chubut	Pirámide 3	HTF	1530±50	D1g5a1	Este estudio
	22	22	si	I16	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Potrero de Garay	HTF	889 ± 59	D1g5a1	García et al. (2021)
	23	23	no	VA35	Uruguay	Uruguay	s/d	Trinidad	contemporáneo	n.c.	D1g5a1	Figueiro et al. (2022)
	24	24	si	E40cm	Patagonia central	Argentina	Chubut	Rawson	Post-contacto	Asoc.±200	D1g5a1a	Este estudio
	25	25	si	AEH152	Patagonia central	Argentina	Chubut	La Azucena	HTF	880±50	D1g5a1a	Parolin et al. (en preparación)
	26	26	si	B10m	Patagonia central	Argentina	Chubut	5 Esquinas - sitio 1	HTF	500-1000	D1g5a1a	Este estudio
	27	27	si	I8351/LCH.E4.4	centro de Argentina - Pampa	Argentina	Buenos Aires	Laguna Chica	HTF	1750±15	D1g5a	Nakatsuka, Lazaridis, et al. (2020); Roca-Rada et al. (2021)
	28	28	si	E38	Patagonia central	Argentina	Chubut	El Doradillo 1 (horno ladrillos)	HTF	370±50	D1g5a2	Este estudio
	29	29	si	LTM42	Cuyo	Argentina	San Luis	La Toma	contemporáneo	n.c.	D1g5a2a	García et al. (2021)
	30	30	si	AEH154	Patagonia central	Argentina	Chubut	El Goffito	HTF	770±50	D1g5a2a	Parolin et al. (en preparación)
	31	31	si	D26cm	Patagonia central	Argentina	Chubut	Gastre	HTF	Asoc. 350±50	D1g5a2a	Este estudio
	32	32	si	I24	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	El Diquecito, Laguna Mar Chiquita	HTF	698 ± 42	D1g5a2a	García et al. (2021)
	33	33	si	ARN126/JN253415	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	D1g5a2a1	Bodner et al. (2012)
	34	34	si	F44cm	Patagonia central	Argentina	Chubut	Rawson	Post-contacto	±200	D1g5a2a1	Este estudio
	35	35	si	F49cm	Patagonia central	Argentina	Chubut	Bryn Gwyn	HTF	690±50	D1g5a2a1	Este estudio
	36	36	si	M92	centro de Argentina	Argentina	Córdoba	Córdoba capital	contemporáneo	n.c.	D1g5a2a1	García et al. (2021)
	37	37	si	LTM18	Cuyo	Argentina	San Luis	La Toma	contemporáneo	n.c.	D1g5a2a1	García et al. (2021)
	38	38	si	AEH156	Patagonia central	Argentina	Chubut	Villarinost	HTF	550±60	D1g5a2a1	Parolin et al. (en preparación)
	39	39	si	S-686622/JN253413	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	D1g5a2a1	Bodner et al. (2012)
	40	40	si	ARN129/JN253416	Patagonia norte	Argentina	Río Negro	sin especificar	contemporáneo	n.c.	D1g5a2a1	Bodner et al. (2012)
	41	41	si	E39	Patagonia central	Argentina	Chubut	Rawson	HTF	270±50	D1g5a	Este estudio
	42	42	si	AEH151	Patagonia central	Argentina	Chubut	Punta Leon	HTF	1050±50	D1g5	Parolin et al. (en preparación)
	43	43	si	B16cm	Patagonia central	Argentina	Chubut	Cabo dos Bahías	HTI	2123±23	D1g5b	Este estudio
	44	44	si	I12360	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Península Mitre	HTF	800±20	D1g5b1	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	45	45	si	I12361	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Península Mitre	HTF	815±20	D1g5b1	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	46	46	si	MA577	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	sin especificar	Post-contacto	~100*	D1g5b1	Raghavan et al. (2015)
	47	47	si	I12363	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Norte Archipiélago	HTF	335±35	D1g5b	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	48	48	si	I12366	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Norte Archipiélago	HTF	220±20	D1g5b	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	49	49	si	I12357	Patagonia insular	Argentina	Isla Grande Tierra del Fuego	Península Mitre	HTF	530±45	D1g5b	Nakatsuka, Luisi et al. (2020)
	50	50	si	AEH145	Patagonia central	Argentina	Chubut	El Lisa	HTF	1900±60	D1g7	Parolin et al. (en preparación)
	51	51	si	C17m	Patagonia central	Argentina	Chubut	5 Esquinas - sitio 1	HTF	500-1000	D1g7a	Este estudio
	52	52	si	C25Dm	Patagonia central	Argentina	Chubut	5 Esquinas - sitio 1	HTF	500-1000	D1g7a	Este estudio
	53	53	si	H07	Patagonia norte - Chile	Chile	Región X Los Lagos, Osorno	San Juan de la Costa	contemporáneo	n.c.	D1g7	Rieux et al. (2014)

(1) La división temporal fue tomada de Gómez Otero & Svoboda (2022)

Referencias

Gómez Otero, J., & Svoboda, A. (2022). Temporal Changes in the Utilization of Marine Resources by Hunter-Gatherers of the North-Central Patagonian Atlantic Coast During the Holocene. In: Helbling, E.W., Narvarte, M.A., González, R.A., Villafañe, V.E. (eds) Global Change in Atlantic Coastal Patagonian Ecosystems. Natural and Social Sciences of Patagonia. Springer, Cham. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-86676-1>.

