

Curso de Doctorado

Estudios de ADN de poblaciones humanas. Fundamentos teóricos y metodológicos. Herramientas para la interpretación y discusión de resultados

Dictado por:

Dra. Josefina MOTTI
LEEH-CONICET/UNICEN

Fecha:

7 al 28 de junio de 2021

Lunes, miércoles y viernes

9 a 12 hs

Modalidad a Distancia

Contenido	Pagina
Programa del curso	2
CV de la docente	8

Doctorado en Arqueología

Curso

1. Título:

Estudios de ADN de poblaciones humanas. Fundamentos teóricos y metodológicos. Herramientas para la interpretación y discusión de resultados

2. Docente a cargo:

Dra. Josefina M. B. Motti

3. Objetivos:

Los estudios de ADN en poblaciones humanas han servido para discutir modelos de poblamiento a nivel global y regional. Cuestiones tales como el origen de los humanos modernos en África, el tiempo y modo del poblamiento de América y las principales rutas de poblamiento en Sudamérica, han sido discutidas teniendo en cuenta la distribución actual de la variabilidad genética en las poblaciones humanas. En la última década, los avances tecnológicos han propiciado el aumento considerable del poder de resolución de los análisis genéticos, llegando a la capacidad de analizar el genoma completo, incluso en restos antiguos. Este último logro ha propiciado la capacidad de abordar la dimensión diacrónica del cambio genético, contribuyendo en gran medida a plantear y discutir modelos de poblamiento propuestos en base al estudio de la evidencia arqueológica en conjunto.

A pesar de la gran profusión de publicaciones en los últimos años que abordan problemáticas arqueológicas desde una perspectiva genética, es aún escasa la repercusión de los mismos en el campo de la arqueología. Numerosas cuestiones contribuyen a explicar esta situación. Distintas tradiciones de publicación entre investigadores que provienen de diferentes campos científicos, así como también el uso de lenguajes técnicos híper- especializados, dificultan el diálogo interdisciplinario.

En este contexto, el objetivo del presente curso de posgrado es el de proveer a los estudiantes de la carrera del doctorado en Arqueología, las herramientas teóricas y metodológicas para la interpretación y discusión de los análisis genéticos y genómicos. Se espera que los participantes del curso puedan comprender los distintos tipos de análisis y las representaciones gráficas de los resultados usadas con mayor frecuencia. Asimismo, se brindarán las herramientas necesarias para comprender los fundamentos teóricos de los distintos tipos de análisis y cómo se articulan con otros conocimientos; y así desarrollar la capacidad de hacer una lectura crítica de los resultados e interpretaciones. Conjuntamente, otro propósito del curso consiste en que los asistentes sean capaces de identificar aquellas preguntas arqueológicas que sean factibles de ser abordadas desde una perspectiva genética, y que tipo de análisis sería necesario para dar respuesta a las mismas. De esta manera se potenciará el diálogo interdisciplinario, dando

impulso y mejorando las capacidades teóricas de una línea de investigación en constante crecimiento.

4. Contenidos:

Unidad 1

Introducción a la genética. Herencia biológica. Origen de la variabilidad. Tipos de mutaciones. Tipos de marcadores: Marcadores de nucleótido único (SNP), *Short tandem repeats* (STR). Técnicas de análisis: RFLP, APLP, Secuenciación Sanger, Microarreglos de ADN, *Next Generation Sequencing*.

Unidad 2

Elementos de genética de poblaciones. Equilibrio de Hardy-Weniberg. Fuerzas evolutivas: mutación, migración, selección natural y deriva genética. Medidas de diversidad y distancia interpoblacional.

Unidad 3

Marcadores moleculares de herencia uniparental. ADN mitocondrial y cromosoma Y. Características y conceptos básicos. Filogenia y filogeografía. Elementos de cladística. Criterio de parsimonia. Interpretación de árboles filogenéticos. Interpretación de redes de haplotipos. Relojes moleculares. Tasas de mutación. Estimaciones de edad de coalescencia de los clados.

Unidad 4

Estudios de ancestría, estructura y diversidad poblacional desde datos autosómicos. Análisis de Componentes Principales. Análisis de *Structure*. Herramientas analíticas específicas para el análisis de ADN antiguo: estadísticos F, *Admixture Graph*, DATES, qpWaves.

Unidad 5

Consideraciones éticas acerca de los estudios genéticos. Trabajo con restos óseos de comunidades originarias. Consentimiento libre, previo e informado. Consentimiento comunitario. Implicancias biomédicas. Impacto social.

5. Bibliografía

Unidades 1 y 2

- Comas D (2014) La genética de las migraciones humanas. Siguiendo el rastro de las migraciones a través de nuestro genoma. *MÈTODE Science Studies Journal*, 4.
- Freeman S. & J. C. Herron. (2002). *Análisis evolutivo*. Segunda edición. Pearson Educación S. A., Madrid. 703 pp. (Traducción de la 2da edición en inglés publicada en 2001).
- Jobling M., Hollox E., Hurlles M., Kivisild T., Tyler-Smith C.. (2014). Chapter 4: Finding and Assaying genome diversity. *Human Evolutionary Genetics*. Garland Science. 2nd Ed. pp. 95-131
- Jobling M., Hollox E., Hurlles M., Kivisild T., Tyler-Smith C.. (2014). Chapter 5: Processes Shaping Diversity. *Human Evolutionary Genetics*. Garland Science. 2nd Ed. pp. 133- 166
- Lessa E. (2004). *Guía de estudio de Genética de poblaciones*. Laboratorio de Evolución, Facultad de Ciencias. Montevideo, Uruguay.
- Lewis Jr, C. M., Tito, R. Y., Lizarraga, B., & Stone, A. C. (2005). Land, language, and loci: mtDNA in Native Americans and the genetic history of Peru. *American Journal of Physical Anthropology*, 127(3), 351-360.

Unidad 3

- Avice, J. C. (2000). *Phylogeography: the history and formation of species*. Harvard university press.
- Hammer, M. F. (2002). A nomenclature system for the tree of human Y-Chromosomal binary haplogroups. *Genome Research*, 12(2), 339–348.
- Bandelt, H. J., Forster, P., Sykes, B. C., & Richards, M. B. (1995). Mitochondrial portraits of human populations using median networks. *Genetics*, 141(2), 743–753.
- Behar, D. M., Villemans, R., Soodyall, H., Blue-Smith, J., Pereira, L., Metspalu, E., Scozzari, R., Makkan, H., Tzur, S., Comas, D., & others. (2008). The dawn of human matrilineal diversity. *The American Journal of Human Genetics*, 82(5), 1130–1140.
- Bodner, M., Perego, U. A., Huber, G., Fendt, L., Röck, A. W., Zimmermann, B., Olivieri, A., Gómez-Carballa, A., Lancioni, H., Angerhofer, N., Bobillo, M. C., Corach, D., Woodward, S. R., Salas, A., Achilli, A., Torroni, A., Bandelt, H. J., & Parson, W. (2012). Rapid coastal spread of First Americans: Novel insights from South America's Southern Cone mitochondrial genomes. *Genome Research*, 22(5), 811–820.
- Brandini, S., Bergamaschi, P., Cerna, M. F., Gandini, F., Bastaroli, F., Bertolini, E., Cereda, C., Ferretti, L., Gómez-Carballa, A., Battaglia, V., Salas, A., Semino, O., Achilli, A., Olivieri, A., & Torroni, A. (2017). The Paleo-Indian Entry into South America According to Mitogenomes. *Molecular Biology and Evolution*, November 2017.
- Gómez-Carballa, A., Pardo-Seco, J., Brandini, S., Achilli, A., Perego, U. A., Coble, M. D., Diegoli, T. M., Álvarez-Iglesias, V., Martínón-Torres, F., Olivieri, A., Torroni, A., & Salas, A. (2018). The peopling of South America and the trans-Andean gene flow of the first settlers. *Genome Research*, 28(6), 767-779.
- Howell N, Smejkal CB, Mackey DA, Chinnery PF, Turnbull DM, Herrnstadt C. 2003. The pedigree rate of sequence divergence in the human mitochondrial genome: there is a

- difference between phylogenetic and pedigree rates. *American Journal of Human Genetics*; 72(3):659-70.
- Jobling M., Hollox E., Hurles M., Kivisild T., Tyler-Smith C.. (2014). Chapter 6: Making Inferences from Diversity. *Human Evolutionary Genetics*. Garland Science. 2nd Ed. pp. 167-233
- Karafet, T. M., Mendez, F. L., Meilerman, M. B., Underhill, P. A., Zegura, S. L., & Hammer, M. F. (2008). New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome Research*, 18(5), 830–838.
- Kivisild, T., Shen, P., Wall, D. P., Do, B., Sung, R., Davis, K., ... & Scozzari, R. (2006). The role of selection in the evolution of human mitochondrial genomes. *Genetics*, 172(1), 373-387.
- Mishmar, D., Ruiz-Pesini, E., Golik, P., Macaulay, V., Clark, A. G., Hosseini, S., ... & Sukernik, R. I. (2003). Natural selection shaped regional mtDNA variation in humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100(1), 171-176.
- Morrone, J. J. (2000). *El lenguaje de la cladística*. UNAM, Dirección General de Publicaciones y Fomento Editorial.
- Perego, U. A., Achilli, A., Angerhofer, N., Accetturo, M., Pala, M., Olivieri, A., Kashani, B. H., Ritchie, K. H., Scozzari, R., Kong, Q., Myres, N. M., Salas, A., Semino, O., Bandelt, H.-J., Woodward, S. R., & Torroni, A. (2009). Distinctive Paleo-Indian migration routes from Beringia marked by two rare mtDNA haplogroups. *Current Biology*, 19(1), 1–8.
- Perego, U. A., Angerhofer, N., Pala, M., Olivieri, A., Lancioni, H., Kashani, B. H., ... & Zimmermann, B. (2010). The initial peopling of the Americas: a growing number of founding mitochondrial genomes from Beringia. *Genome Research*, 20(9), 1174-1179.
- Pinotti, T., Bergström, A., Geppert, M., Bawn, M., Ohasi, D., Shi, W., ... & Dawtry, K. (2019). Y chromosome sequences reveal a short Beringian Standstill, rapid expansion, and early population structure of Native American founders. *Current Biology*, 29(1), 149-157.
- Santos C, Montiel R, Sierra B, Bettencourt C, Fernandez E, Alvarez L, Lima M, Abade A, Aluja MP. 2005. Understanding differences between phylogenetic and pedigree-derived mtDNA mutation rate: a model using families from the Azores Islands (Portugal). *Molecular Biology and Evolution*; 22(6):1490-505.
- Soares, P., Ermini, L., Thomson, N., Mormina, M., Rito, T., Ro, A., Salas, A., Oppenheimer, S., Macaulay, V., & Richards, M. B. (2009). Correcting for Purifying Selection: An Improved Human Mitochondrial Molecular Clock ". *The American Journal of Human Genetics*, 84, 740–759.
- 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., & others. (2007). Beringian standstill and spread of Native American founders. *PLoS One*, 2(9), e829.
- Torroni, A., Schurr, T. G., Cabell, M. F., Brown, M. D., Neel, J. V, Larsen, M., Smith, D. G., Vullo, C., & Wallace, D. C. (1993). Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. *American Journal of Human Genetics*, 53(3), 563–590.
- Y Chromosome Consortium. (2002). A nomenclature system for the tree of human Y-Chromosomal binary haplogroups. *Genome Research*, 12(2), 339–348.

Unidad 4

- Gnecchiu-Ruscione G.A., Sarno S., De Fanti S., Gianvincenzo L., et al. (2019). Dissecting the Pre-Columbian Genomic Ancestry of Native Americans along the Andes– Amazonia Divide. *Molecular Biology and Evolution*. 36(6):1254–1269.
- Jobling M., Hollox E., Hurles M., Kivisild T., Tyler-Smith C. (2014). Chapter 6: Making Inferences from Diversity. *Human Evolutionary Genetics*. Garland Science. 2nd Ed. pp. 167-233
- Jobling M., Hollox E., Hurles M., Kivisild T., Tyler-Smith C. (2014). Chapter 13: Into new- found lands. *Human Evolutionary Genetics*. Garland Science. 2nd Ed. pp. 167-233
- Luisi P., García A., Berros J.M., Motti J. et al. (2020). Fine-scale genomic analyses of admixed individuals reveal unrecognized genetic ancestry components in Argentina. *PLoS ONE* 15(7): e0233808
- Li, J. Z., Absher, D. M., Tang, H., Southwick, A. M., Casto, A. M., Ramachandran, S., ... & Myers, R. M. (2008). Worldwide human relationships inferred from genome-wide patterns of variation. *science*, 319(5866), 1100-1104.
- Moreno-Mayar JV, Vinner L, de Barros Damgaard P, de la Fuente C, et al. (2018). Early human dispersals within the Americas. *Science*. 7;362(6419): eaav2621.
- Nakatsuka N., Luisi P., Motti J.M., Selemme M. et al. (2020). Ancient genomes in South Patagonia reveal population movements associated with technological shifts and geography. *Nat Commun*. 2020 Aug 3;11(1):3868
- Narasimhan, V. M., Patterson, N. J., Moorjani, P., Lazaridis, I., Mark, L., Mallick, S., et al. (2018). The genomic formation of South and Central Asia. *bioRxiv*, 292581
- Patterson, N., Moorjani, P., Luo, Y., Mallick, S., Rohland, N., Zhan, Y., ... & Reich, D. (2012). Ancient admixture in human history. *Genetics*, 192(3), 1065-1093.
- Peter, B. M. (2016). Admixture, population structure, and F-statistics. *Genetics*, 202(4), 1485-1501.
- Posth C, Nakatsuka N, Lazaridis I, Skoglund P, et al. (2018). Reconstructing the Deep Population History of Central and South America. *Cell*. 15;175(5):1185-1197.e22.
- Racimo F., Sikora M. Linden M. V., Schroeder H. and Lalueza- Fox C. (2020) Beyond broad strokes: sociocultural insights from the study of ancient genomes. *Nat Rev Genet*. 21(6):355-366.
- Reich D., Patterson N., Campbell D., Tandon A. et al. (2012). Reconstructing Native American population history. *Nature*. 488: 370–374
- Sánchez-Quinto, F., Malmström, H., Fraser, M., Girdland-Flink, L., Svensson, E. M., Simões, L. G., ... & Britton, K. (2019). Megalithic tombs in western and northern Neolithic Europe were linked to a kindred society. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(19), 9469-9474.

Unidad 5

- 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.

Hudson M., Garrison N. A., Sterling R., Caron N.R. (2020). Rights, interests and expectations: Indigenous perspectives on unrestricted access to genomic data. *Nature Reviews Genetics* 21(6):377-384

Tsosie K. S., Begay R.L., Fox K. and Garrison N.A. (2020). Generations of genomes: advances in paleogenomics technology and engagement for Indigenous people of the Americas. *Current Opinion in Genetics & Development*. 62:1-6

Schwartz-Marin E. (2015). Genetics and Tradition: Competing Sources of Knowledge of Human History? In: eLS. John Wiley & Sons, Ltd: Chichester.

Wagner J.K., Colwell C., Claw K.G., Stone A.C. (2020). Fostering Responsible Research on Ancient DNA. *The American Journal of Human Genetics* 107, 183-195.

6. Modalidad de dictado:

El curso consistirá en 10 clases de 3hs cada una, dictadas los días martes y viernes durante 5 semanas (fecha a confirmar). Las clases se dictarán a distancia a través de videoconferencias en plataforma a confirmar.

7. Duración:

30 horas reloj (mínimo).

8. Modalidad de evaluación:

Durante el curso se proporcionarán elementos teóricos y metodológicos para la discusión y resolución de problemáticas concretas que involucren el uso de distintos marcadores moleculares en poblaciones humanas modernas y antiguas. Los estudiantes seleccionarán trabajos bibliográficos o casos propios que tengan que ver con cuestiones arqueológicas para exponer y discutir en clase. El curso se aprobará con una evaluación final de carácter individual.

Currículum vitae

-Josefina María Brenda Motti-

e-mail: josemotti@yahoo.com.ar

CARGOS

- Investigadora Asistente CONICET. Resolución Número 7963/13.

ESTUDIOS REALIZADOS Y TITULOS OBTENIDOS

- Licenciada en Antropología. Facultad de Ciencias Naturales y Museo. UNLP. 2006
- Doctora en Ciencias Naturales. Facultad de Ciencias Naturales y Museo. UNLP. 2012
Título de tesis: "Caracterización de linajes maternos en la población actual del Noroeste y Centro-Oeste argentinos"

Realizada en el Laboratorio de Genética Molecular Poblacional. Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE)

Director: Claudio M. Bravi

Co-Directora: Graciela Bailliet

Calificación: Sobresaliente diez (10) con mención unánime de publicación.

BECAS

- Beca de postgrado tipo I. CONICET. Fecha Inicio: 01/04/2007. Fecha Terminación: 30/06/2010
- Beca de postgrado tipo II. CONICET. Fecha Inicio: 01/04/2011. Fecha Terminación: 30/03/2013
- Beca postdoctoral. CONICET. Fecha Inicio: 01/04/2013 Fecha Terminación: 30/03/2015

DISTINCIONES- PREMIOS

- Mención al egresado distinguido de Posgrado en la carrera de Doctorado en ciencias Naturales. Universidad Nacional de La Plata. Año 2013

ANTECEDENTES DOCENTES Y DE INVESTIGACION

-Antecedentes docentes

- Ayudante Alumno Rentado Interino dedicación Simple. Servicio de Guías. Desde 01/06/2007 hasta 01/09/2007.
- Ayudante Diplomado Rentado Interino dedicación Simple. Servicio de Guías. Facultad de Ciencias Naturales y Museo. Universidad Nacional de La Plata. Desde el 01/09/2007 hasta el 31/03/2009.
- Ayudante Diplomado Rentado Interino dedicación Simple. Cátedra: Evolución. Facultad de Ciencias Naturales y Museo. Universidad Nacional de La Plata. Desde 01/04/2010 hasta 04/12/2014.
- Colaborador docente en el “Curso de actualización en genética humana” organizado por la Facultad de Ciencias Médicas a través del Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CIC-CONICET. Del 8 de mayo al 9 de octubre de 2009.
- Inscripta en el Programa de Incentivos a Docentes-Investigadores de las Universidades Nacionales (Categoría V), según resolución N° 2983 del Ministerio de Educación, 17/12/2010.
- Docente provisional. Espacio curricular Evolución, correspondiente al cuarto año del profesorado para la educación secundaria en Biología. Instituto Superior de Formación Docente N° 163. Dirección de cultura y Educación de la Provincia de Buenos Aires. Desde mayo de 2014 hasta marzo de 2018.

-Participación en Proyectos de Investigación

- **PICT 2005** N° 32450 “Pasado indígena, presente criollo. Diversidad filética y estructura geográfica de los linajes maternos aborígenes presentes en poblaciones criollas argentinas.”
- **PICT 2008** N° 0680 “Evidencias de eventos migratorios y diferenciación regional en linajes autóctonos y alóctonos del cromosoma Y en poblaciones urbanas”
- **PICT 2008** N° 0715 “Del Poblamiento Continental a los Poblamientos Regionales: estructuración étnico/geográfica de los linajes mitocondriales americanos”
- **PIP 2010-2012** N° 20090100001 “Análisis de linajes haploides humanos en poblaciones actuales y antiguas de Argentina y Andes sud-centrales”
- **PICT 2010** N° 0575 “Escenarios paleopatológicos y epidemiológicos pre y post contacto interétnico en la Patagonia Austral y Tierra del Fuego”
- **PIP 2012** N° 11220120100359CO “Las poblaciones humanas de la costa patagónica meridional durante el Holoceno. Integrando líneas de evidencia para entender su ecología y vinculación con otros ambientes.”
- **PIP 2015-2017** N° 11220150100953CO “*Next-generation sequencing* del genoma mitocondrial en muestras humanas actuales y antiguas del centro de Argentina”
- **PICT -2015** N° 1405 “Procesos de poblamiento en el cono sur, una aproximación desde el

estudio de los linajes maternos”

- **PICT-2015 N° 2167** “El poblamiento humano de Pampa Norpatagonia: una perspectiva molecular para una historia de 15.000 años”
- **PICT-2016 N° 0462** “Ancestralidad genética y construcción identitaria en la ciudad de Córdoba”

-Actividades de evaluación

- Miembro del tribunal de evaluación de la tesis de doctorado de la Biol. Maia Pauro, titulada "Análisis moleculares de linajes uniparentales en poblaciones humanas del centro de Argentina", trabajo dirigido por el Dr. Darío Demarchi. Doctorado en Ciencias Antropológicas, de la Facultad de Filosofía y Humanidades de la Universidad Nacional de Córdoba. 2015
- Miembro del comité editorial de la Revista Argentina de Antropología Biológica.
- Editora invitada para un Dossier especial de la Revista del Museo de La Plata, dedicado al poblamiento americano, titulado: “Ocupaciones tempranas en América: voces desde el Cono Sur”.
- Revisor externo de las siguientes revistas:
 - “Acta biológica colombiana”. Años 2010, 2017.
 - “Revista Argentina de Antropología Biológica”. Años 2015, 2016, 2019.
 - “Human Biology”. Años 2016, 2017.
 - “Chungara. Revista de antropología chilena”. Año 2017.
 - “Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología”. Año 2017.
 - “Jangwa Pana”. Año 2019.
 - “RUNA”. Revista para las ciencias del Hombre” Año 2019.
 - “Quaternary International” Año 2020.

TRABAJOS PUBLICADOS O ACEPTADOS PARA PUBLICAR EN REVISTAS PERIÓDICAS, ACTAS DE CONGRESOS, LIBROS O CAPÍTULOS DE LIBROS

-Trabajos en eventos científico-tecnológicos. Resúmenes publicados (últimos 5 años)

- D'Angelo del Campo MD, García Laborde P, Valenzuela LO, **Motti JMB**, Guichón RA. 2015. Metadatos y paleopatología en Patagonia Austral. Libro de Resúmenes del VI Congreso de la Asociación de Paleopatología en Sudamérica. Buenos Aires, Argentina. p 62.
- D'Angelo del Campo MD, García Laborde P, Suby JA, **Motti JMB**, Guichón RA. 2015. Espondilolisis en Patagonia Austral. Libro de Resúmenes de las XII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. Martín Kowalewski & Mariana Raño - 1a edición - Corrientes 2015. E-Book ISBN 978-

987-33-8735-7 CDD 599.9 p. 113

- Motti JMB**, Harkins K, García Laborde P, Valenzuela LO, Cuello M, Stone AC, Bravi CM y Guichón RA. 2015. Develando el poblamiento humano de la Patagonia austral: aportes de los estudios de secuencias completas de ADN mitocondrial. Libro de Resúmenes de las XII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. Martín Kowalewski & Mariana Raño - 1a edición - Corrientes 2015. E-Book ISBN 978-987-33-8735-7 CDD 599.9 p. 32
- Bravi CM, Cuello M, Pauro M, **Motti JMB**, García A, Nores R, Demarchi DA. 2015. De Taiwán a Villa Atamisqui: cinco mil años de historia recapitulados en un linaje materno. Libro de Resúmenes de las XII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. Martín Kowalewski & Mariana Raño - 1a edición - Corrientes 2015. E-Book ISBN 978-987-33-8735-7 CDD 599.9 p. 35
- Schwab ME, Jurado Medina LS, Beltramo J, Ramallo V, Paz Sepúlveda PB, **Motti JMB**, Muzzio M, Cuello M, Santos MR, Alfaro E, Dipierri JE, Bravi CM, Bailliet G. 2015. Encuestas genealógicas y diversidad de haplogrupos del cromosoma Y en nueve provincias argentinas. Libro de Resúmenes de las XII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. Martín Kowalewski & Mariana Raño - 1a edición - Corrientes 2015. E-Book ISBN 978-987-33-8735-7 CDD 599.9 p. 84
- Bravi CM, **Motti JMB**, Guichón RA. 2015. Afinidades filogeográficas de los linajes maternos patagónicos de origen nativo: una mirada a escala continental. Libro de Resúmenes de la XLVIII Reunión Anual de la Sociedad de Genética de Chile. Sociedad de Genética de Chile: Valdivia, Chile. p. e10
- Sala C, Paz P, Jurado Medina LS, Schwab M, **Motti JMB**, Aquilano E, Cuello M, Santos MR, Martin Alva E, Mejia Porturas M, León Torres CA, Di Rocco F, Bravi CM y Bailliet G. 2016. Análisis de linajes paternos en la ciudad de Trujillo, Perú. Libro de resúmenes del XIV Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica. pp 168-169. E. Muzzio M, **Motti JMB**, Yee M-C, Cooke T, Santos MR, Bailliet G, Bravi CM, Bustamante CD y Kenny EE. 2016. Orígenes subcontinentales del componente africano en poblaciones argentinas. Libro de resúmenes del XIV Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica. p 31.
- Motti JMB**, Nieves Colon M, de la Fuente C, García Laborde P, Harkins K, Cuello M, Stone AC, Guichón RA y Bravi CM. 2016. Filogeografía de los linajes mitocondriales del sur de Patagonia. Libro de resúmenes del XIV Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica. pp 97-98.
- Bravi CM, Cuello M, Pauro M, Beltramo J, Rodríguez Golpe D, **Motti JMB**, García A, Nores R y Demarchi DA. 2016. La diáspora malgache en América. Libro de resúmenes del XIV Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica. p 28.
- Dobbyn A, **Motti JMB**, Yee M-C, Slivinsky K, Cooke T, Santos MR, Bailliet G, Bravi CM, Bustamante CD, Kenny EE y Muzzio M. 2016. Diversidad genética en Argentina y su importancia en los estudios sobre adaptación genética. Libro de resúmenes del XIV Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica. p 58.
- Aquilano E, Schwab M, **Motti JMB**, Jurado Medina LS, Martin Alva E, Mejia Porturas M, León Torres CA, Bardales Vásquez CB, Sala C, Di Rocco F, Bailliet G, Bravi CM. 2016. Ancestría continental remota de los linajes maternos en una muestra de Trujillo, Perú. Libro de resúmenes del XIV Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica. pp 175-176.
- Stone AC, **Motti JMB**, Harkins K, García Laborde P, Valenzuela LO, Cuello M, Nieves Colón MA, Buikstra JE, Bravi CM, Guichón RA. 2016. Ancient DNA and isotope analyses from Misión

- Salesiana, Tierra del Fuego. Program of the 85th Annual Meeting of the American Association of Physical Anthropologists. pp 305-306.
- Guichón, RA.; Cruz, I; Muñoz S; Valenzuela, LO; **Motti, JMB**; Romina, C; Salerno, MA; Burry, S; García Laborde, P; Martucci, M; D'Angelo del Campo MD.; Palacio, PI; Velázquez, NJ; Rigone, R. **2017**. *Los espacios "entre" en los estudios sobre la dinámica del poblamiento humano en Patagonia Austral*. XIII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.
- D'Angelo del Campo, M D; Curti, H; Manzano, L; García Laborde, P; Valenzuela, LO; Martucci, M; **Motti, JMB**; Palacio, PI; González Martín, A; Guichón, RA. 2017. *Hacia una base de datos pública y de acceso abierto de la información bioantropológica de Patagonia Austral*. XIII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.
- Rodríguez Golpe, DC; Schwab, ME; Aquilano, E; Paz Sepúlveda, PB; Silvero, N; Cuello, M; Bailliet, G; **Motti, JMB**; Bravi, CM. 2017. *Linajes maternos en las ciudades de Formosa y Corrientes, Argentina*. XIII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.
- Aquilano, E; Schwab, M; **Motti, JMB**; Jurado-Medina, L; Martín Alva, E; Mejía Porturas, M; León Torres, C; Bardales Vásquez, C; Sala, C; Di Rocco, F; Bailliet, G; Bravi, CM. 2017. *Origen continental remoto de los linajes maternos en una muestra de Trujillo, Perú*. XIII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.
- Rodríguez Golpe, DC; Schwab, ME; Paz Sepúlveda, P; Aquilano, E; Silvero, N; Sala, C; Cuello, M; Jurado Medina, LS; **Motti, JMB**; Bravi, CM; Bailliet, G. 2017. *Aportes de los linajes paternos nativos y alóctonos a las poblaciones contemporáneas de Formosa y Corrientes, Argentina*. XIII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.
- Schwab, ME; **Motti, JMB**; Jurado Medina, LS; Beltramo, J; Muzzio, M; Ramallo, V; Cuello, M; Alfaro, E; Dipierri, J; Bailliet, G; Bravi, CM. 2017. *Identificación y análisis de los linajes C1d1b y C1d1b1 en Noroeste y centro-oeste de Argentina*. XIII Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.
- García A., **Motti JMB**, Maia Pauro, Rodrigo Nores, Claudio M. Bravi, Darío A. Demarchi. Afinidades genéticas entre las poblaciones de Cuyo y de las sierras pampeanas: ¿evidencia de un origen común? Jornadas Arqueológicas Cuyanas. 9 al 11 de mayo de 2018. Malargüe.
- Stone A., S. Winingear, **J. Motti**, M. Nieves-Colon, K. Harkins, P. Garcia Laborde, R. Guichon. Ancient DNA from Misión Salesiana, Tierra del Fuego. 8th International Symposium on Molecular Archaeology 18th–21st September 2018
- Guichón, RA.; Valenzuela LO.; **Motti JMB**; Salerno M.A.; García Laborde P.; D'Angelo del Campo MD.; Casali, R.; Martucci M.; Rigone R.; Palacio PI. Repensando las estrategias de abordaje del proceso de contacto europeo indígena en el Norte de Tierra del Fuego (Patagonia Austral), Argentina". XV Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica. Mayagüez, Puerto Rico, 1 al 4 de noviembre de 2018.
- Alfaro Gómez E.L., Albeck M.E.; Peña Aguilera D.C., Jurado Medina L.S., Miguez L.J., Cuello M., **Motti J.M.B.**, Bravi C.M y G. Bailliet. 2019. Tras las huellas de los Casabindo. Desde la arqueología a la genética. XX Congreso Nacional de Arqueología Argentina. 15 al 19 de julio, Córdoba.
- Motti J.M.B.**, D. Rodríguez-Golpe, E.A. Aquilano, A. García, R.J. Vecchi, V.B. Aldazábal, G. Magoon, R.A. Guichón y C.M. Bravi. 2019. Variabilidad mitocondrial en individuos del holoceno tardío del sudeste de la provincia de Buenos Aires. Sus vínculos con otras regiones y

su profundidad temporal. XX Congreso Nacional de Arqueología Argentina. 15 al 19 de julio, Córdoba.

- García, A; **Motti J**; Pauro, M; Luisi, P; Bravi, CM; Demarchi, D; Nores, R. 2019. Continuidad poblacional y gran profundidad temporal de acuerdo al análisis de mitogenomas de muestras antiguas y actuales del centro de Argentina. XIV Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.
- Bailliet G, **Motti J**, Jurado Medina LS, Geronazo A, Aquilano E, Muzzio M, Cuello M, Dipierri JE, Bravi CM, Albeck ME, Alfaro Gómez EL. 2019. Correlación entre apellidos de origen Casabindo y linajes uniparentales. XIV Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.
- D'Angelo del Campo MD; Curti H; López MG; García Laborde P; Valenzuela LO; Martucci M; **Motti J**; Palacio PI; González Martín A; Guichón RA. 2019. Base de información bioantropológica de Patagonia Austral (B.I.B.P.A.). XIV Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.
- Rodríguez Golpe, DC; Aquilano, E; Beltramo, J; Schwab, ME; Paz Sepúlveda, P; Silvero, N; Cuello, M; Bailliet, G; **Motti, JMB** y Bravi, CM. 2019. Linajes B2e en el NEA y Litoral de Argentina. XIV Jornadas Nacionales de Antropología Biológica.

-Artículos publicados en revistas (últimos 5 años):

- Guichón RA, García Laborde P, **Motti JMB**, Martucci M, Casali R, Huilinao F, Maldonado M, Salamanca M, Vilte B, Guevara A, Gallardo Pantoja C, Suárez MA, Salerno MA, Valenzuela LO, D'Angelo del Campo MD y Palacio PI. 2015. Experiencias de trabajo conjunto entre investigadores y pueblos originarios. El caso de Patagonia Austral. *Revista Argentina de Antropología Biológica*; 17(2):00-00.
- Sans M, Mones P, Figueiro G, Barreto I, **Motti JMB**, Coble M D, Bravi CM y Hidalgo PC. 2015. The mitochondrial DNA history of a former native American village in Northern Uruguay. *American Journal of Human Biology*, 27(3), 407-416.
- Motti JMB**, Hagelberg E, Lindo J, Malhi R, Bravi CM y Guichón RA. 2015. Primer genoma mitocondrial en restos humanos de la costa de Santa Cruz, Argentina. *Magallania (Chile)*; 43(2):69-81.
- Motti JMB**, Schwab ME, Beltramo J, Jurado-Medina LS, Muzzio M, Ramallo V, Bailliet G y Bravi CM. 2017. Diferenciación regional de poblaciones nativas de América a partir del análisis de los linajes maternos. *Intersecciones en Antropología*, 18(3), 271-282.
- Muzzio M, **Motti JMB**, Sepulveda PBP, Yee MC, Cooke T, Santos MR, Ramallo V, Alfaro EL, Dipierri JE, Bailliet G, Bravi CM, Bustamante CD y Kenny EE. 2018. Population structure in Argentina. *PLoS one*, 13(5), e0196325.
- D'Angelo del Campo, M. D., García Laborde, P., Valenzuela, L. O., **Motti, JMB**, Martucci, M., Palacio, P. I., & Guichón, R. A. 2018. Información bioantropológica publicada de Patagonia Austral. Un abordaje de la situación actual desde el data-sharing. *Revista del Museo de Antropología*, 11(1), 153-170.
- Weitzel, C., Mazziá, N., Hermo, D., Bozzuto, D., Marchioni, L. & **Motti, J**. 2020. Ocupaciones tempranas en América: voces desde el Cono Sur. *Revista del Museo de La Plata* 5(1), pp. 46-49.
- D'Angelo del Campo, MD; Curti, H; López MG; García Laborde, P; Valenzuela, LO; **Motti, JMB**; Martucci, M; Palacio, PI; González Martín, A; Guichón, RA. 2020. Base de información bioantropológica de Patagonia Austral (B.I.B.P.A.). *Revista Argentina De Antropología*

Biológica; 22(2). En prensa.

- Luisi, P; García, A; Berros, JM; **Motti**, JMB; Demarchi, DA; Alfaro, E; Aquilano, E; Argüelles, C; Avena, S; Bailliet, G; Beltramo, J; Bravi, CM; Cuello, M; Dejean, C; Dipierri, JE; Jurado Medina, LS; Lanata, JL; Muzzio, M; Parolin, ML; Pauro, M; Paz Sepúlveda, PB; Rodríguez Golpe, D; Santos, MR; Schwab, M; Silvero, N; Zubrzycki, J; Ramallo, V; Dopazo, H. 2020. Fine-scale genomic analyses of admixed individuals reveals unrecognized genetic ancestry components in Argentina. *PLoS One*, 15(7): e0233808.
- Nakatsuka N, Luisi P, **Motti JMB**, Salemme M, Santiago F, D'Angelo Del Campo MD, Vecchi RJ, Espinosa-Parrilla Y, Prieto A, Adamski N, Lawson AM, Harper TK, Culleton BJ, Kennett DJ, Lalueza-Fox C, Mallick S, Rohland N, Guichón RA, Cabana GS, Nores R, Reich D. 2020. Ancient genomes in South Patagonia reveal population movements associated with technological shifts and geography. *Nature Communications*, 11(1):3868.
- Motti, J.M.B.**, S. Winingear, L.O. Valenzuela, M. A. Nieves-Colón, K. M. Harkins, P. García Laborde, C.M. Bravi, R.A. Guichón Y A.C. Stone. 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.
- Jurado Medina, LS, Paula B. Paz Sepúlveda, Virginia Ramallo, Camila Sala, Julieta Beltramo, Marisol Schwab, **Josefina M B Motti**, María Rita Santos, Mariela V. Cuello, Susana Salceda, José E. Dipierri, Emma L. Alfaro Gómez, Marina Muzzio, Claudio M. Bravi, and Graciela Bailliet. 2020. Continental Origin for Q Haplogroup Patrilineages in Argentina and Paraguay. *Human Biology Open Access Pre-Prints*. 177.
- Motti, JMB**, Luisi P, Salemme M, Santiago F y Nores R. 2020. 7000 años de historia en el fin del mundo. *Desde la Patagonia*, en prensa.

-Capítulos de libros:

- Motti JMB**, Ramallo V, Muzzio M, Bailliet G y Bravi CM. 2014. El ADN mitocondrial como indicador de relaciones biológicas entre poblaciones antiguas y actuales del NOA. En: *Avances Recientes en la Bioarqueología Latinoamericana*. Editado por Luna L, Aranda C y Suby J. Ciudad Autónoma de Buenos Aires: Grupo de Investigación en Bioarqueología. pp 267-283.
- Motti, JMB**, Muñoz, S., Cruz, I., D'Angelo del Campo, M.D., Borrero, L.A., Bravi, C. M. y Guichón R.A. 2019. Análisis de ADN mitocondrial en restos humanos del Holoceno Tardío del sur de Santa Cruz. En: *Arqueología de la Patagonia: el pasado en las arenas*: pp 493-503. Gómez Otero, J.; Svoboda, A. y Banegas A. Eds. Puerto Madryn: Instituto de Diversidad y Evolución Austral. ISBN 978-987-46578-1-7

SOCIEDADES ACADÉMICAS Y PROFESIONALES DE LAS CUALES ES MIEMBRO

- Miembro de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica.
- Miembro de la Comisión Directiva de la Asociación de Antropología Biológica Argentina en calidad de vocal. Período 2018-2020.

TRABAJOS DE TRANSFERENCIA/EXTENSIÓN EFECTUADOS (últimos 5 años)

- Realización del Taller “*Nuestro esqueleto*”. Dirigido a estudiantes de 5° grado de la educación primaria. EPB N° 7 “Juan Bautista Alberdi”, en el marco de la XIII Semana Nacional de la Ciencia y la Tecnología. Necochea, junio de 2015.
 - Participación como expositora de la Charla “¿A ciencia Cierta? Charla abierta con arqueólogos, antropólogos y biólogos que trabajan en Necochea” dirigida a público general y llevada a cabo en el marco de la XIII Semana Nacional de la Ciencia y la Tecnología. Centro Cultural Necochea, 19 de junio de 2015.
 - Fui entrevistada, junto con otros colegas, en el diario local “Ecos Diarios”. La nota fue publicada el 6 de septiembre de 2015, con el título “El trabajo del investigador. Arqueólogos, biólogos e historiadores, dependientes del Conicet, integran equipos de estudio en Necochea. Cómo es hacer ciencia en una ciudad como la nuestra”
 - Charla-taller dirigida a Scouts de Argentina. Se realizaron charlas dirigidas a niños de entre 8 y 11 años, durante tres días. Asistiendo a la Universidad más de 300 niños. Enero 2016.
 - Co-organizadora del ciclo de charlas “La Arena de la ciencia en Necochea y Quequén”. Se trató de un ciclo anual de charlas dirigidas al público general. El ciclo tuvo difusión en diarios, radios y redes sociales. Abril a noviembre 2016.
 - Charla denominada: “Develando la historia escrita en nuestro ADN” realizada en el marco del ciclo: “La arena de la ciencia en Necochea y Quequén”. Como parte de la difusión de la misma asistí al programa de radio “Segundo aire” de FM Cooperativa, donde me realizaron una entrevista. Junio 2016.
 - Charla dirigida a estudiantes de la asignatura Genética y Sociedad del 6° año de la EEMN° 8 de la localidad de Necochea. Noviembre 2016.
 - Charla dirigida al personal que trabaja en el Banco Nacional de Datos Genéticos (MinCyT) La misma se denominó “Claves para el Análisis del ADN mitocondrial en la población argentina”. Diciembre 2016.
 - Charla “La Prehistoria en Euskadi. Datos arqueológicos e información genética”. Organizada por el Centro Vasco de Necochea. La charla fue realizada en conjunto con Aitor Sánchez (Departamento de Geografía, Prehistoria y Arqueología de la Universidad del País Vasco). Diciembre 2016.
 - Participación en el documental Ciencia x Científics. Programa de divulgación de la ciencia realizado por el equipo de medios audiovisuales de la Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, denominado: “Ciencia x científics”. Difundido a través de canales de cable de distintas localidades de la Provincia de Buenos Aires y en la página de internet de Medios Unicen. Mi participación fue en carácter de entrevistada en el estudio y en mi lugar de trabajo junto con Pamela García Laborde. Unidad de Medios Audiovisuales. UNCPBA, Tandil. 2017
 - En conmemoración del Día del Investigador científico se realizaron Charlas-Talleres dirigidos a estudiantes de tercer grado de la Escuela Primaria N° 51 de la localidad de Necochea. Abril 2017.
- Participación como comentarista acerca de la asignación de los nombres científicos de las especies

en el programa "Vine por el aviso" de FM Maestra 97.3 Necochea. 27 de abril de 2017.
https://www.ivoox.com/2017-04-27-vine-aviso-entrevista-a-audios-mp3_rf_18402557_1.html

- Participación en las actividades de la Semana de las Ciencias, organizada por la Secretaría de Ciencia y Técnica. "El misterio del cementerio 2018" septiembre de 2018.
 - Charla "ADN y Antropología" para estudiantes de 6° año del Instituto Secundario Argentino Danés Alta Mira, en el marco de la Semana de las Ciencias y las Artes de dicha institución. 7 de noviembre de 2018.
- Participación como entrevistada individual en el programa de radio "El abanico" por FM Maestra 97.3 Necochea. Julio de 2019.
- Participación en las actividades de la Semana de las Ciencias, organizada por la Secretaría de Ciencia y Técnica. "Laboratorio abierto" septiembre de 2019.