



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO**  
POSGRADO EN ANTROPOLOGÍA  
FACULTAD DE FILOSOFÍA Y LETRAS/  
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES ANTROPOLÓGICAS/  
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES SOCIALES

LINAJES MATERNOS ENTRE LOS MAYAS DE CHICHÉN ITZÁ.  
ESTUDIO DE ADN MITOCONDRIAL

TESIS QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:  
MAESTRÍA EN ANTROPOLOGÍA

PRESENTA:  
DIANA BUSTOS RÍOS

TUTORA:  
DRA. BLANCA ZOILA GONZÁLEZ SOBRINO  
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES ANTROPOLÓGICAS, UNAM

CIUDAD DE MÉXICO, ENERO DE 2017



Universidad Nacional  
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

**Biblioteca Central**



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



Para su realización este proyecto ha contado con el apoyo de

Proyecto PAPIIT-UNAM IN400913

Proyecto PAPIIT-UNAM IN402015

Laboratorio de Antropología Genética

Instituto de Investigaciones Antropológicas

Universidad Nacional Autónoma de México.



# Contenido

<b>CONTENIDO</b>	<b>IX</b>
<b>INTRODUCCIÓN</b>	<b>1</b>
<b>1. ANTECEDENTES</b>	<b>5</b>
1.1 LA HISTORIA DE LAS POBLACIONES MAYAS	13
1.3. CHICHÉN ITZÁ Y LOS RITMOS DE CAMBIO EN EL ÁREA MAYA	30
<b>2. MARCO TEÓRICO</b>	<b>38</b>
2.1. EL ADN MITOCONDRIAL. SU IMPORTANCIA EN LOS ESTUDIOS DE VARIABILIDAD POBLACIONAL	47
2.2. LA VARIABILIDAD POBLACIONAL EN AMÉRICA A TRAVÉS DE LOS ESTUDIOS DE ADN MITOCONDRIAL	49
<b>3. LA GENÉTICA DE POBLACIONES EN LOS ESTUDIOS ANTROPOLÓGICOS</b>	<b>55</b>
3.1. LOS MATERIALES Y LOS MÉTODOS: LA ANTROPOLOGÍA GENÉTICA EN EL LABORATORIO	57
<b>4. DISCUSIÓN</b>	<b>74</b>
4.1 ANÁLISIS DE DISTANCIAS GENÉTICAS	77
<b>FIGURAS</b>	<b>100</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA</b>	<b>102</b>



## Introducción

Chichén Itzá fue el gran centro urbano del Posclásico en el área maya. Su fama trascendió el largo sueño de la selva hasta que a finales del siglo XIX recobró importancia para los exploradores y anticuarios que por entonces recorrían el sureste mexicano y Centroamérica en busca de las civilizaciones perdidas. Uno de ellos fue Thompson, quien en 1894 adquirió la hacienda de Chichén Itzá y comenzó la exploración del Cenote sagrado. Poco a poco empieza a crecer la información disponible sobre la antigua ciudad, cuya existencia ya había sido reportada desde la época de contacto por Montejo, y es su similitud estilística con Tula lo que ha suscitado el debate académico sobre el origen de los pobladores de Chichén en el Posclásico. En un principio se mayas “mexicanizados” dedicados al comercio y por ende, propiciadores de la influencia tolteca en la lejana península. Más tarde comenzó a referirse a este grupo como itzaes, grupo maya-chontal o putun que alcanzaron Chichén Itzá hacia el 987 dC, introduciendo el culto a Quetzalcóatl/Kukulcán. (v. Thompson, 1970; Piña Chan, 1993).

Para algunos estudiosos, la instauración de un nuevo culto implica la ruptura de paradigmas, la disgregación de los viejos grupos de poder y la construcción de nuevas formas de gobierno, esto redundando en grandes desplazamientos poblacionales: así, el nuevo orden cosmovisual, empieza a cobrar preponderancia no sólo en el área maya, sino en regiones tan distantes como Michoacán (v. López Austin y López Luján, 1999)

El panorama planteado por la emergencia de un nuevo horizonte cultural, el Posclásico, coloca en el centro del debate la pregunta sobre estos desplazamientos poblacionales. La mayoría de los aportes en este sentido, provienen de fuentes históricas, del registro arqueológico e incluso de la lingüística. En la lectura de la diversidad humana, requerimos tener en cuenta los procesos culturales y la genética. A lo largo del trabajo iremos desarrollando el análisis de una colección osteológica proveniente de un contexto arqueológico sellado de Chichén Itzá con la finalidad de comparar las estructuras de variabilidad poblacional del altiplano central mexicano con las de la península de Yucatán durante esa época.

En el presente trabajo, nos propusimos hacer un análisis de variabilidad poblacional para identificar los cambios en las frecuencias de haplogrupos mitocondriales utilizando como muestra, 15 quintos metatarsos derechos pertenecientes a individuos recuperados de la excavación de un depósito ritual ubicado 300 m al NE del Cenote Sagrado y fechado por radiocarbono para el 920±60 AD al cual, por sus características morfológicas, se le ha denominado *Chultún* de Chichén Itzá.

La muestra resultó representativa de la variabilidad poblacional reportada en poblaciones mayas y a través de su análisis bioestadístico, encontramos que la frecuencia de los haplogrupos se distribuye de manera diferencial entre el Clásico y el Posclásico, por lo que podemos proponer que las poblaciones biológicas mayas, pese a la conservación de su estructura genética como un grupo claramente diferenciado del resto del país (González), en este particular periodo de la historia creció la representación del haplogrupo B, linaje mitocondrial reportado como característico de las poblaciones yutoaztecanas (Kemp *et al*, 2010).

Estos resultados, pueden ser sostenidos también con información arqueológica sobre la que discutimos en el capítulo 1. Ahí hacemos un recuento de las relaciones entre el altiplano central mexicano y el área maya durante la época prehispánica. Las redes de comercio fueron un importante mecanismo de contacto entre estamentos sociales específicos, el motivo central del intercambio eran bienes suntuarios. Más tarde, durante el Posclásico, las rutas de intercambio sufrieron modificaciones y la difusión de nuevas ideas motiva a considerar que se intensificó el contacto entre los grupos mayas y del altiplano más allá de las relaciones de comercio. Es decir, la evidencia arqueológica apoya la hipótesis de una migración de los sistemas de culto y de gobierno al área maya; esto no implica necesariamente la movilidad de grandes grupos humanos, pero la movilidad de un patrón cosmovisual sí nos habla de la intensificación de las relaciones - inclusive las de intercambios matrimoniales-, que puede traducirse en un cambio de frecuencias en la distribución de haplotipos, tal como observamos en este trabajo.

Un estudio de antropología genética sustentado con material óseo antiguo implica una serie de retos, el primero de ellos, referente a la recuperación de material genético de materiales orgánicos degradados. Esta debe optimizarse de tal suerte que recuperemos un corpus muestral representativo. Por ejemplo, trabajamos 15 muestras, de las cuales

recuperamos ADN de 11 de ellas. El alto rendimiento de los protocolos de ensayo aquí presentados, se debe a que empleamos el protocolo de extracción de ADN antiguo desarrollado en el Instituto de Investigaciones Antropológicas de la UNAM (Aguirre Samudio *et al*, 2011) y que fue el resultado de una investigación muy precisa respecto a materiales en condiciones de conservación similares a las del material del *Chultun* de Chichén Itzá. En otro momento hemos señalado la importancia de conocer las condiciones de conservación del material osteológico en la adecuación de los protocolos de extracción, amplificación e identificación del segmento recuperado, pues los procesos diagenéticos sufridos por las muestras no son iguales en todos los casos arqueológicos (Bustos Ríos, 2012:97-127).

Posteriormente, en el desarrollo del estudio *in silico*<sup>1</sup>, consideramos la importancia de construir una base de datos con enfoque de antropología genética. Teniendo en cuenta que recuperamos información de 11 individuos, dicha base de datos requería ser fortalecida con información sobre la variabilidad poblacional en otras poblaciones antiguas y contemporáneas. Esto implicaba conocer sobre la variabilidad poblacional en México en relación con la historia y demografía, para poder seleccionar la información apropiada para documentar las distancias génicas entre el altiplano central mexicano y el área maya, así como entre las poblaciones yucatecas actuales y mayas prehispánicas. Estamos hablando de dos sentidos involucrados en el diseño de una propuesta bioestadística como la aquí presentada: el diacrónico (histórico) y el espacial (geográfico), que permanecen interrelacionados en diferentes niveles: las muestras antiguas comparten una temporalidad pero no pertenecen a las mismas regiones geográficas; las muestras contemporáneas provienen de Yucatán, pero abordamos también si conservan continuidad con las estructuras poblacionales antiguas o hay algún cambio en las frecuencias haplotípicas. Encontramos que en términos generales, la estructura genética se mantiene, pues sigue siendo el haplogrupo A el más frecuente en el área maya. Sin embargo es sabido que los linajes mitocondriales de Yucatán son muy antiguos (González-Sobrino, 2016:156) y presentan una alta variabilidad, lo que significa que a pesar de verse muy similares las muestras antiguas y modernas, las diferencias deben

---

<sup>1</sup> Se utiliza este término para designar la etapa de investigación desarrollada mediante *software* especializado, cuyo objetivo es la aplicación de modelos bioestadísticos.

estar presentes en un nivel detectable con técnicas biomoleculares como la secuenciación de Sanger. Sobre este mismo tema, en términos históricos y demográficos sabemos que tras la llegada de los españoles, los sistemas de organización social sufrieron cambios drásticos, de suerte que algunas poblaciones mayas optaron por aislarse en la selva con la finalidad de evitar el acasillamiento. En esta región se presentaron tanto comunidades mestizas como núcleos mayas aislados geográficamente para evitar el control español. Este dato apoya la hipótesis sobre la continuidad de un mismo patrón en las distribuciones haplotípicas, aunque como hemos dicho, ello no quiere decir que sean idénticas las poblaciones biológicas en el Yucatán prehispánico al contemporáneo. Este punto en particular, es el que nos invita a dejar abierta la posibilidad para un posterior estudio, de incorporar las muestras del Chultún de Chichén Itzá y de otros sitios arqueológicos, a un estudio sobre genética de poblaciones con marcadores recuperados por secuenciación de Sanger.

Presentamos entonces, un modelo de trabajo en antropología genética donde están involucradas en un mismo ejercicio biostadístico, muestras procedentes de registros arqueológicos y muestras provenientes de estudios en poblaciones actuales y esperamos que los resultados presentados sean de utilidad en la investigación de los movimientos poblacionales durante el Posclásico mesoamericano, tanto como una invitación a incorporar muestras prehispánicas en el estudio de la historia biológica de México.

## 1. Antecedentes

Para comprender la estructura de una población implica conocer dos partes interrelacionadas: la estructura demográfica y la estructura genética. Sin la interrelación de estos dos aspectos, no podremos interpretar los resultados de un ensayo bioestadístico. En este sentido, en la búsqueda de estructuras genéticas en poblaciones antiguas, la revisión de información histórica, arqueológica y paleodemográfica es de suma importancia. En este apartado hablaremos del contexto arqueológico del material que analizamos así como de los procesos sociales y políticos del área maya a finales del Clásico y en el inicio del Posclásico, época caracterizada por el cambio en el paradigma político en mesoamérica y en la cual se ha hablado de grandes movimientos poblacionales (v. López Austin y López Luján, 1999; Manzanilla, 2005). En el estudio de este periodo, uno de los temas que especialmente ha suscitado el interés de los investigadores, es el de la relación entre la península de Yucatán y el altiplano central mexicano evidenciada en la influencia Tolteca de Chichén Itzá (v. Piña Chan, 1993).

En el presente estudio, trabajamos con una colección osteológica proveniente de una estructura localizada a 300 m al noreste del cenote sagrado de Chichén Itzá y fechada por radiocarbono para el *Florecimiento Modificado*, correspondiente al Epiclásico del altiplano central. Por sus características, este depósito es único en la historia de las excavaciones en el área maya: se trata de una oquedad adosada a una estructura donde fueron localizados más de cien individuos, infantes casi en su totalidad. Pese a sus dimensiones, los artefactos depositados son escasos y no se cuenta con información tafonómica suficiente, por lo que el principal recurso de interpretación ha sido la arquitectura.

En 1967 se amplió la pista de aterrizaje de Chichén Itzá. Dada su cercanía con la zona monumental, el salvamento arqueológico era imprescindible y lo llevó a cabo el arqueólogo Víctor Segovia Pinto de abril a junio de ese año. Al lado sur de la pista, a unos 300 m al noreste del cenote sagrado, había una pequeña elevación natural con restos de una construcción prehispánica (Fig. 1).

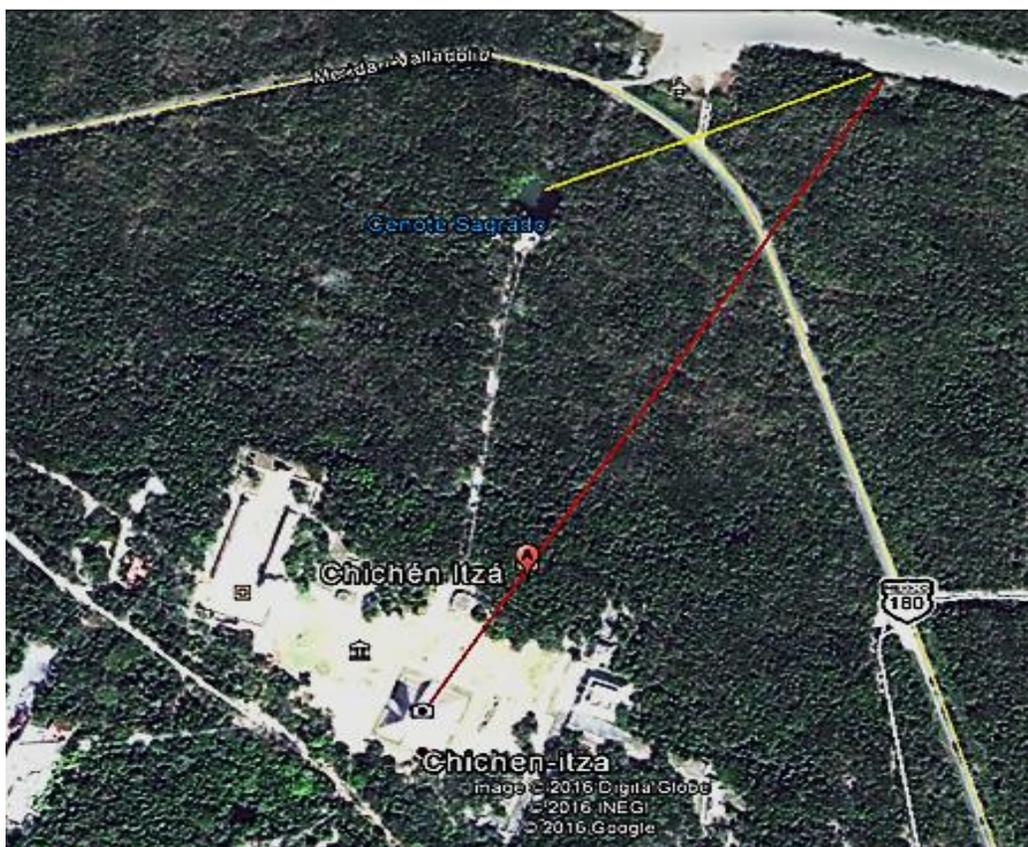
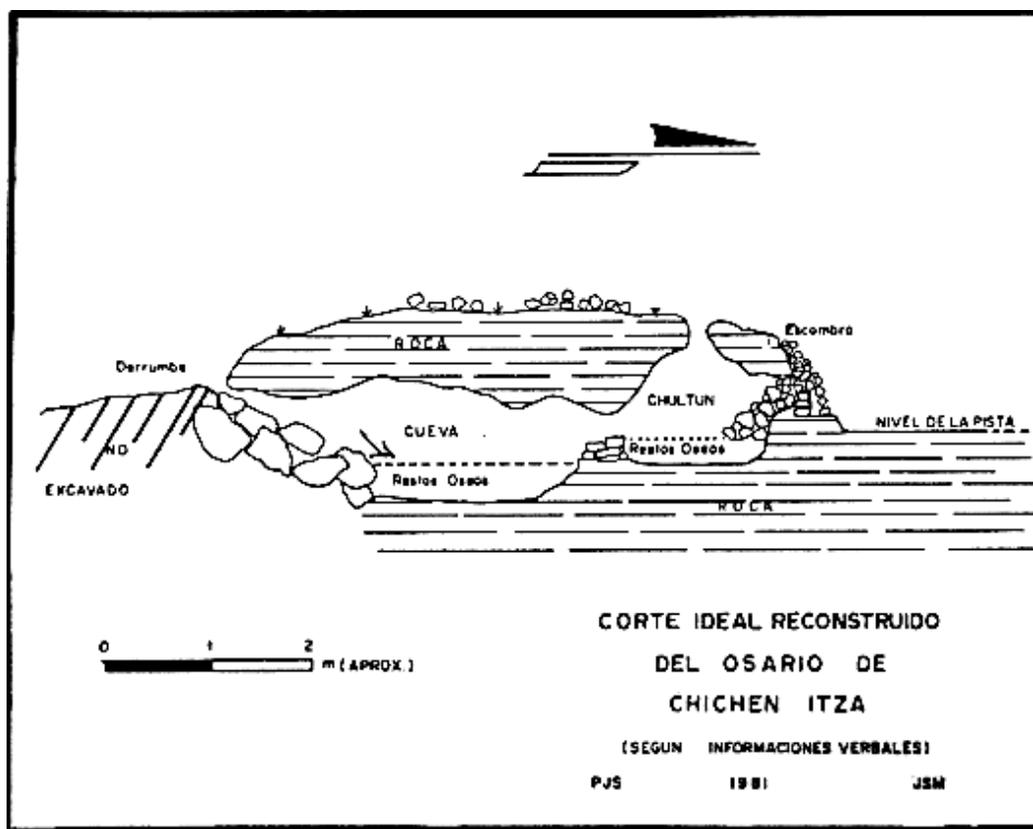


Figura 1. **Ubicación general del depósito.** En 1967 se encontraron restos de una estructura. El hallazgo aconteció durante los trabajos de ampliación de la pista de aterrizaje. (Tomado de Del Castillo Chávez y González-Sobrino, 2016)

En el lado norte y casi al nivel de dicha pista, la máquina aplanadora se había topado con los restos de un muro de revestimiento que seguía la redondez de la roca y limitaba la pequeña elevación, constituida por el basamento de la desaparecida estructura. En la parte superior de dicho montículo, se detectó una entrada circular similar a las habituales de los *chultunoob* -cisternas excavadas en la rocamadre usuales en el área maya para contener agua o almacenar maíz-. En el interior -bajo una primera capa de tierra negra y *sascaab*<sup>2</sup>-, hasta el fondo de la oquedad, se encontraron los restos óseos de varios individuos, algunos de ellos en relación anatómica. Pese al nombre que ostenta hasta la fecha, este hallazgo no es propiamente un *chultun*, pues en el muro detectado se identificó una entrada al interior del depósito. Además, hacia el sur se comunicaba con una cueva natural de mayores extensiones. Ahí, bajo una capa de corteza de árbol y

<sup>2</sup> Mortero de roca caliza.

tierra negra empleada para nivelar esta segunda cámara con la primera (Fig. 2), se encontraron casi 100 individuos infantiles y algunos adultos (Márquez y Schmidt, 1984).



*Figura 2. Corte Norte-Sur del Chultún. En el interior de la estructura, una oquedad similar a un chultún contenía más de cien esqueletos de infantiles. (Tomado de Márquez y Schmidt, 1984)*

Junto con las osamentas se encontraron pocos artefactos: cuentas de barro, un aerófono en forma de pájaro, un anzuelo, dos piezas de lítica tallada (una de obsidiana y otra de sílex) y dos pendientes de concha, por lo que no se infirió mucho sobre el contexto. Sin embargo la cueva fue fechada por asociación de materiales como perteneciente al Clásico Terminal de Chichén Itzá y posteriormente por radiocarbono como perteneciente al año 920+60 AC.

En cuanto al material osteológico inventariado, por conteo mínimo de cráneos y huesos largos se sabe que de 109 individuos, sólo seis eran adultos, pues se contaron igual número de escápulas izquierdas completamente osificadas. El resto de los elementos

óseos correspondían a subadultos. El porcentaje más alto estuvo en el grupo etario de 3 a 6 años (52.6%) seguido del intervalo entre 9 y 12 años (36.8%) (Márquez Morfín, 2010).

Respecto a la interpretación del contexto, éste ha sido abordado en las primeras investigaciones como un caso *sui generis*. Las investigaciones en curso dirigidas por Oana del Castillo, han abierto una nueva posibilidad de interpretación para este singular depósito (Del Castillo Chávez y Williams, en prensa). Estos autores proponen que se trata de un depósito primario secuencial correspondiente a ofrendas *k'ex* (de intercambio de dones) en rituales agrícolas. Su interpretación parte de la identificación de un patrón arquitectónico común entre el *Chultun*<sup>3</sup> de Chichén Itzá y la estructura Q95 de Mayapán: ambos forman parte de un basamento desplantado sobre una oquedad natural en cuyo fondo se encontraron adultos de edad avanzada. En ambos casos, los edificios están ubicados entre 30° y 45° respecto a las estructuras centrales de los sitios arqueológicos, en el punto donde coinciden tanto el solsticio de verano como el orto de Venus y las Pléyades.

Como para otros pueblos de mesoamérica, la salida heliacal del conjunto de las Pléyades anunciaba a los mayas el arribo del tiempo de lluvias. Esta constelación es conocida por los mayas quiché como *motz*, que significa “puñado de semillas de maíz”, pues su primer avistamiento en el horizonte marca la época de siembra. Entre los mayas de Yucatán, dicha constelación era conocida con el nombre de *tsab*, “el cascabel de la serpiente celeste”; el crótalo, por su forma, tiene una asociación con la mazorca tierna. Con base en esta información arqueoastronómica, así como en la iconografía conservada, Del Castillo y colaboradores infieren que tanto el *Chultun* como la estructura Q95 corresponden al ciclo mítico Venus-lluvias-siembra del maíz, lo que las coloca en relación cercana a Kulkán e Itzamná, representados con símbolos celestes, entre los cuales destaca Venus (Del Castillo Chávez y González-Sobrino, 2016).

En el área maya, el indicador arqueológico más recurrente es la arquitectura monumental. Su organización espacial se encuentra cercanamente relacionada con las concepciones cosmogónicas, las políticas y las sociales. Para la interpretación de los enterramientos, Julia A. Hendon (2003) propone un análisis del paisaje social a partir de

---

<sup>3</sup> Hemos ya esclarecido que no se trata de una oquedad de almacenamiento. Sin embargo, emplearemos *Chultun* (con mayúscula y en cursivas) para poder referirnos fácilmente a este particular contexto.

la distribución espacial de los enterramientos presentes en dos patios residenciales del sitio Las Sepulturas, en Copán. Para la autora, las construcciones monumentales son marcadores que establecen y hacen visible la identidad social a través de la conmemoración de personajes importantes, eventos o ideas y sostiene que los sobrevivientes definen y negocian sus identidades sociales al momento de participar en la construcción de una tumba. Así, los grupos en permanente competencia requieren un complejo código de manifestaciones y ocultamientos que les permitan ejercer una identidad frente al otro. En el caso de los enterramientos, el proceso de ocultamiento o destrucción a través de una serie de actos cotidianos y rituales, se denomina *incorporación* y torna símbolo de pertenencia a los restos ahí depositados (Hendon, 2003:164).

Más aún, los pueblos mesoamericanos consideraban que su paisaje construido, al pertenecer al ámbito de lo “denso”, lo perceptible, fungía como vasija del *Ch’ulel*, la sustancia “ligera” constituyente de los dioses y las fuerzas cósmicas; sustancia capaz de ejercer acción eficaz sobre el mundo perceptible y también de ser afectada por la acción humana. Así es como se establece un vínculo de reciprocidad entre el ecúmeno y el anecúmeno a través de las edificaciones religiosas, concebidas como un *axis mundi*, entre cuyos aspectos figura el de la cueva donde se resguardan los mantenimientos; la troje donde se resguarda el maíz (López Austin y López Luján, 2009:27-149). Este planteamiento permitiría explicar por qué se utilizan cavidades que recuerdan a un *chultún*, estructura hecha para almacenamiento y conservación de agua o maíz. Desde esta óptica, se puede colegir una relación entre el depósito reiterado de infantes y los cultos agrícolas, relación documentada profusamente en otras cosmovisiones semejantes a la maya, tales como la del posclásico tardío en el altiplano central. Por ejemplo, Johanna Broda (2003 en; González Sobrino, 2010:225) refiere que los niños son simbólicamente el maíz; los niños muertos desempeñaban un papel en el proceso de la maduración de las mazorcas y desde los cerros regresaban al momento de las cosechas. Son el maíz mismo.

Ahora bien, respecto a los edificios del área maya, la presencia en su interior de restos humanos, obedece a una diversidad de motivos algunas veces incluyentes entre sí. Podemos encontrar depósitos funerarios o evidencia de occisión ritual relacionada a

sacrificios de comunión (ceremonias propiciatorias, dedicatorias o calendáricas y expiatorias) o sacrificios de prestigio. Estos últimos buscaban manifestar la omnipotencia de un personaje sobre la vida y la muerte humanas, por lo que frecuentemente se trata de un depósito funerario donde se beneficia al personaje sacrificándole acompañantes (Tiesler Blos y Cucina, 2010). Como hemos mencionado, para Del Castillo y Williams (en prensa), los registros arqueológicos tanto del *Chultún* como de la estructura Q95, corresponden a ofrendas *k'ex*, de intercambio. Estos rituales no sirven simplemente para enterrar a un ser humano, sino para incorporar a esos restos humanos adentro de las narraciones rituales particulares de cada estructura (Farr et al. 2008).

En las primeras investigaciones, se ha propuesto que se trata de un contexto sacrificial arguyendo la inusual curva respecto a la tendencia de mortalidad infantil y las precarias condiciones de salud observadas en la colección osteológica, (Márquez y Schmidt, 1984; Márquez Morfín, 2010). Por el contrario, recientes investigaciones reportan que los niños estaban sanos y presentan notorias inserciones musculares. Por otra parte, un dato de gran relevancia es que estos recientes estudios logran identificar niños y niñas en el depósito de Chichén Itzá, de acuerdo a un estudio morfométrico realizado en los ilion y también las mandíbulas (Del Castillo Chávez y Hernández Espinoza, en prensa). Para las autoras, la presencia de ambos sexos cambia el sentido del depósito, proponiéndolo como un espacio donde yacen los cuerpos con posterioridad a la occisión ritual.

Cualesquiera de estas posibilidades, constituyen en sí parte de rituales relacionados a lo sagrado y ambivalente: es lo que se teme y lo que admira, lo singular, lo nuevo, lo perfecto y lo monstruoso, generalmente asociado con la sexualidad y el nacimiento (Eliade, 1972:25-40). Para Lévi-Strauss (1952, en González Sobrino, 2010:223) los infantes, al no estar completamente incorporados a la sociedad, pertenecen a los dioses y a los muertos. Por ende los niños tienen una naturaleza dual, están relacionados a la fertilidad y al mismo tiempo, con las fuerzas telúricas de la tierra (Ardren, 2006), razón que los torna apropiados para la occisión ritual y también, en cuanto a los ritos funerarios, implica depositarlos en lugares específicos (Baxter, 2005:93-108).

Existe otro vínculo de los niños con el maíz: resulta interesante recordar que además de ser esta planta el elemento que incluye a los niños dentro del grupo de *teyolía* viajeros hacia alguno de los tres principales lugares de los muertos, es el maíz el elemento que

se empleaba para adivinar si la salud de un niño enfermo mejoraría o lo llevaría directamente hacia la muerte. Asimismo, la disociación entre los niños pequeños y el resto de los muertos obedece al hecho de que los niños pequeños, si no se han incorporado a la tierra de los vivos, tampoco lo harán a la de los muertos. Dicha incorporación sucede a través de la alimentación más que propiamente de un rito (López Austin, 1996:358). Una vez que se prueba el maíz será posible ir a alguno de los otros lugares de los muertos.

En el presente trabajo, el interés sobre la naturaleza del contexto estribaba en la representación de la muestra osteológica respecto de la población maya de Chichén Itzá en el periodo señalado. Teniendo en cuenta que se trata de un registro arqueológico correspondiente con una actividad ritual y que los hallazgos osteológicos en el área maya son escasos debido a la dificultosa conservación de este tipo de material en suelos ácidos y húmedos, esperábamos un sesgo en la representatividad del muestreo. Más aún, el tipo de depósito en “chultún” está documentado en pocas ocasiones: Chichén Itzá y Labná -ambos corresponden al Clásico Terminal- (Cobos, 2003:41) y la Tumba del Sacerdote de Chichén Itzá (Thompson y Thompson, 1938) así como el Osario Núm. 7 de Mayapán (Márquez y Schmidt, 1984:103).

Por otra parte, dado que los rituales reflejan simbólicamente los hechos sociales y se instituyen en síntesis del sentido cultural del grupo, implican la participación colectiva para reproducir las jerarquías, las reglas y las normas. Se establecen vínculos de mutuo reconocimiento e interdependencia entre diferentes estamentos. Además es un espacio ritual definido por el patrón de selectividad etario y está compuesto por una centena de individuos, lo cual le hacía ideal para un análisis probabilístico. Por último, es posible que haya sido usado durante un lapso prolongado, lo que acrecienta su representatividad. Esta perspectiva nos invitaba a considerar que era posible observar una estructura de variabilidad en la colección del *Chultún*, la cual fuese representativa de la composición genética del área maya durante el periodo citado.

Analizamos el 10% del total de la muestra y en nuestros resultados, encontramos que la distribución de los haplogrupos mitocondriales en el *corpus* muestral corresponde con las estructuras genéticas reportadas para el área maya (v. González-Sobrino, 2016:143-155). Notamos también que el periodo entre finales del Clásico y el principio del

Posclásico, la frecuencia del haplogrupo B, de origen yutoaztecaño (Kemp *et al*, 2010), empieza a crecer entre la población maya (Fig. 3).

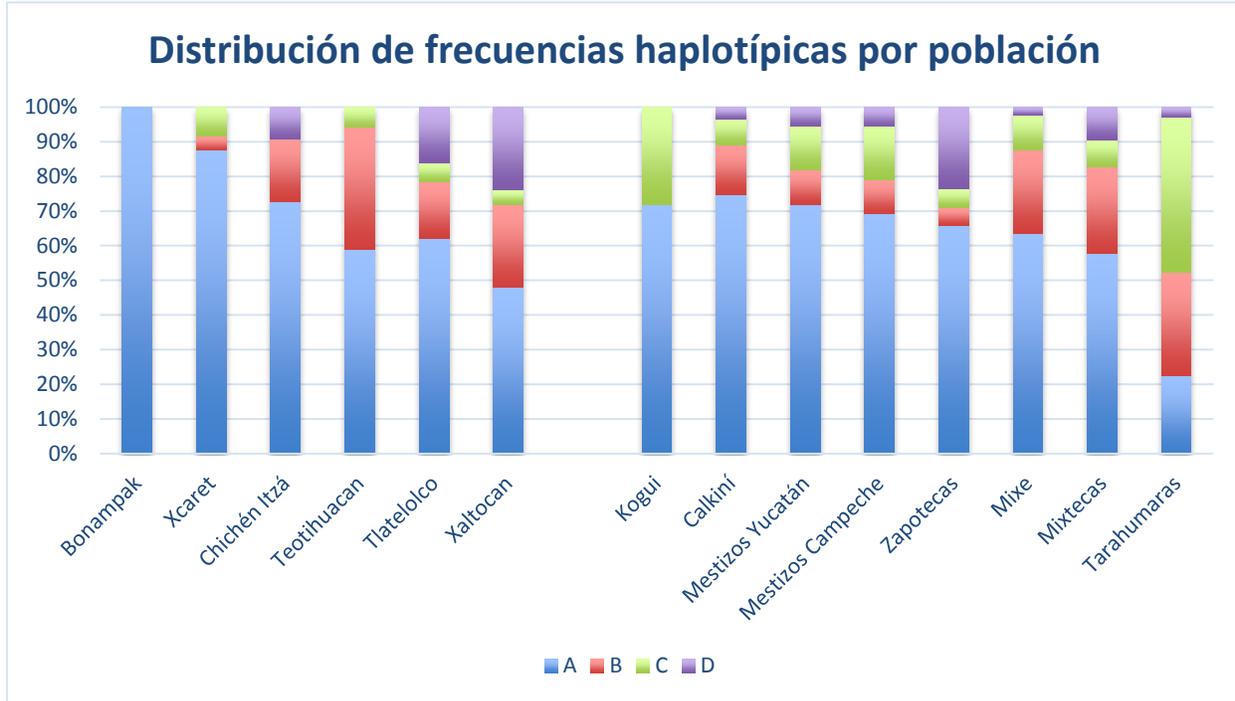


Figura 3. **Frecuencias haplotípicas del presente estudio (criterio diacrónico).** En la gráfica se muestra la distribución de los haplogrupos mitocondriales. El haplogrupo A es el predominante en poblaciones mayas. Vemos cómo el haplogrupo B empieza a adquirir presencia a partir del Clásico Terminal. Entre las poblaciones centroamericanas y caribeñas casi no hay presencia de este haplogrupo.

Este dato nos acerca a la revisión de los procesos históricos tendientes al cambio de paradigma sociopolítico que se presume empezó a gestarse en este lapso de transición. Sabemos que las redes de comunicación e intercambio dentro de la esfera de los señoríos mayas fueron intensas y continuas, lo que nos proporciona una singularidad en la estructura genética de la región, claramente diferenciada de otras regiones por la presencia de linajes específicos de los cuales se presume una gran antigüedad (González-Sobrino, 2016). Con el altiplano central mexicano existía una relación continua sostenida principalmente por el intercambio a larga distancia entre los estamentos comerciales. Durante los reacomodos poblacionales del Posclásico, las rutas comerciales también se transformaron. Se dice que justamente fueron los grupos dedicados al comercio, los que empezaron a introducir elementos nahuas manifiestos en la estilística tolteca de Chichén Itzá.

## 1.1 La historia de las poblaciones mayas

A lo largo del presente apartado revisaremos las relaciones entre el sureste mexicano y el altiplano central. La manera en que los cambios políticos acontecidos desde finales del Clásico transformaron las relaciones comerciales en el periodo Epiclásico que en el norte de Yucatán coincide con el periodo denominado *Florecimiento modificado*, época donde tuvo su mayor auge Chichén Itzá. Al parecer, el término *maya* tuvo su origen en el noroeste de Yucatán en el período Posclásico, donde fue utilizado por los conquistadores itzaes para denominar a los pueblos de esa región. Sin embargo, otras versiones consideran el origen del vocablo muy diferente. Según Castañeda (1996), *maya* o *mayab* se refería colectivamente a grupos de personas que organizaban la sociedad, el Estado y la historia basándose en un calendario en el cual *may* (período de aproximadamente 260 *tunes* o años de 360 días) era la unidad privilegiada para calcular el tiempo.

En arqueología, el término “maya” se aplica a las diferentes civilizaciones que florecieron al sur de mesoamérica y de las cuales se conservan principalmente impresionantes reminiscencias arquitectónicas, generalmente correspondientes a los grandes centros urbanos de cada periodo y región. Así, tenemos para el Preclásico centros como Izapa y la cuenca de El Mirador (Clark *et al*, 2000). Para el Clásico sitios como Yaxchilán, Palenque, Copán y Tikal en las tierras bajas del sur e Izamal, Xcaret y los primeros asentamientos de Uxmal y Chichén Itzá en las tierras del norte (Benavides Castillo, 2001b). Para el periodo Posclásico, en las tierras bajas destacan Seibal y las últimas etapas de Palenque, Yaxchilán y Copán. En el norte, Chichén Itzá, Uxmal y Dzibilchaltún estaban en su etapa de esplendor (Iglesias Ponce de León y Ciudad Ruiz, 2001; Rivera Dorado, 2001).

Desde el punto de vista de la lingüística, se puede decir que aproximadamente hace 4,500 años surgió el habla común que posteriormente daría origen a las lenguas mayas. En esa época, había pueblos establecidos en las regiones montañosas y en las tierras bajas. A través de los siglos estas poblaciones se han desarrollado en un territorio de 389,610 km<sup>2</sup>, ubicado en lo que en la actualidad son los estados de Quintana Roo, Campeche, Yucatán, Tabasco y el oriente de Chiapas en México; Guatemala, Belice y la parte poniente de Honduras y El Salvador en Centroamérica. (Bartolomé, 1992;

Bastarrachea Manzano, 1994). Para la época de la invasión hispana, el maya se había diversificado en 31 lenguas y variantes dialectales que cubrían desde la franja oriental del Istmo de Tehuantepec hasta la parte occidental de Honduras y El Salvador.

Si bien en términos arqueológicos “maya” se define a través de una tradición material presente en diferentes asentamientos poblacionales, esto no significa que estemos hablando de una sola etnia. Ciñéndonos al enfoque lingüístico, si se consideran al menos 31 lenguas mayenses para la época de contacto, entonces nos encontramos ante una pluralidad de pueblos pertenecientes a una macro-familia lingüística misma que comenzó a presentar una mayor divergencia a partir del Clásico (Clark *et al*, 2000:440-441).

En relación a los estudios sobre el poblamiento de América, han sido frecuentes los esfuerzos por contrastar la información arqueológica con las glotocronologías, ocasionalmente con la información étnica, social, geológica y por supuesto, biológica. En opinión del lingüista Leopoldo Valiñas (2010), la tendencia a identificar las culturas arqueológicas con las culturas étnicas y con las lenguas ha producido resultados débiles y fuertemente cuestionables y lo atribuye a la falta de coherencia y rigor en el manejo de información disímil (*op. cit.*,99). A continuación haremos una síntesis de su planteamiento respecto a la historia de las lenguas mayenses para complementar el panorama de la información arqueológica e histórica sobre los mayas prehispánicos.

Actualmente las lenguas de la familia maya ocupan la mayor parte del sureste mexicano (las partes altas de Chiapas, algunas regiones de Tabasco, parte importante de la península de Yucatán) y amplias regiones de Guatemala, Belice y Honduras, además de la presencia del huasteco en la región del mismo nombre, en los estados de San Luis Potosí y Veracruz. Su clasificación está lejos de ser unívoca, en especial en lo tocante a sus subagrupaciones y a la posición de la familia huastecana.

Valiñas nos dice que para Jiménez Moreno (1942) el proto-maya era parte del macro-mayance que tenía su *homeland*<sup>4</sup> a lo largo de la costa del Golfo, desde el norte de Veracruz hasta el oriente de Tabasco. Fue una cuña totonaca-zoqueana la responsable de romper la continuidad maya, causando la separación de los hablantes de huasteco de los demás. Esos huastecos fueron los portadores de la cultura de La Venta, conviviendo

---

<sup>4</sup> El autor considera que este término es más preciso que “la región de origen” o “foco de dispersión”; las cursivas son de este trabajo.

muy seguramente con los zapotecos y postula que la separación del chicomucelteco y su migración hacia el sur debió haberse dado antes del 350 dC. Nos dice también que Swadesh (*apud* 1960) y Manrique (*apud* 1994) propusieron que el *homeland* de las lenguas mayas se localizaba hace unos 4,500 años, en la región huasteca y la llanura costera veracruzana.

Valiñas continúa diciéndonos que para Manrique, la considerable extensión geográfica del proto-maya generó la aparición de dialectos que formaban una cadena muy diferenciada. Así, para el 1600 aC ya existían tres dialectos: el proto-huastecano, el proto-cotoque (chicomucelteca) y el proto-yaxqué. Por esos tiempos comenzó una intrusión mixezoque hacia la costa, aislando a la gente de habla proto-huastecana y proto-chicomucelteca en el norte y empujando al resto de los hablantes proto-mayas hacia el sur. Esto resultó en que hacia el 1500 aC las lenguas mayas se encontraban ya claramente divididas en dos grupos: el inik o proto-huastecano (desde el norte del Pánuco hasta el norte de Xalapa) y el winik, que se extendía por Tabasco, Campeche, norte de Chiapas y norte de Guatemala. Al oriente (en las tierras bajas del Petén y el sur de la península de Yucatán) se encontraban los ancestros de quienes hablarían maya yucateco y lacandón y al occidente los proto-chol-tzeltalanos, habitantes de La Venta (Valiñas, 2010:107).

Por otra parte, entre los años 100 y 200 dC arriban grupos cholanos al Petén lo que propiciando la división del gran cholano en las lenguas cholanas y las tzotzilanas. Según los registros arqueológicos, los hablantes de proto-cholano tenían una tradición cultural más compleja que provocó que expulsaran del Petén de manera pacífica a la gente de habla yucatecana, fortaleciéndose esta en el norte de Yucatán. Para Josserand (*apud* 1975), no hay duda de que la lengua de la élite maya clásica era proto-cholano, porque acepta que los portadores de la cultura maya clásica al influir cultural y lingüísticamente a sus vecinos, generaron un idioma altamente innovador. Finalmente la división del cholano en tres lenguas durante el Clásico Tardío tiene correlatos con la evidencia arqueológica del Clásico Tardío y del Posclásico.

Sobre el origen de las lenguas mayences, Valiñas recupera la hipótesis de Josserand (*apud* 1975), quien propone las tierras altas de Chalchulapa en El Salvador sería el *homeland* de la gente de habla proto-maya quizás desde el 2900 aC. Basándose en la

evidencia arqueológica, demográfica y geográfica, propone que el primer grupo emigró alrededor del 2200 aC y fue el de habla proto-huastecana. Más tarde, cerca del 1500 aC, los hablantes de proto-yucatecano emigraron hacia las tierras bajas vecinas desocupadas siguiendo los valles fluviales del alto Lempa hacia Motagua y de ahí hacia el Golfo de Honduras (donde algunos de ellos se asentaron) dirigiéndose más tarde al Petén y hacia Belice. En las tierras bajas entraron en contacto con gente olmeca del oeste y con otros del norte de Yucatán. Esto los caracterizaría y daría origen a una particular diversidad cultural de las tierras bajas mayas, significando además que la gente de habla proto-yucatecana se separara rápidamente del resto de los mayas y que mantuviera su homogeneidad lingüística, la cual se perdería hasta el 900 dC (Valiñas, 2010:107-109).

En resumen, siguiendo a Clark, Hansen y Pérez (Clark *et al*, 2000) quienes no dan una identidad étnica o lingüística a los primeros pobladores del actual área maya, mas reconocen que es muy probable desde hace unos 4000 años las tierras bajas mayas hayan estado habitadas por pueblos de habla maya. Los autores se basan en la evidencia cerámica y la arquitectónica para establecer lo que ellos llaman “continuidad histórica de prácticas culturales y de estilos artísticos”. Entre 800 y 750 aC agricultores provenientes de Belice (posiblemente hablantes de lenguas cholanas) se movieron hacia las tierras bajas mayas desplazando o incorporando a otros grupos que quizá ya habitaran el Petén. Más tarde, para el 200 aC hablantes de proto-tzeltalano colonizaron las regiones montañosas de Chiapas, integrando o desplazando a los hablantes de proto-zoque.

Valiñas menciona que Clark y colaboradores (2000 apud; Valiñas, 2010:110) piensan el *homeland* de los hablantes de proto-huastecano en la región de Veracruz y la costa tabasqueña y que fueron los moyakas los que al arribar desde las costas chiapanecas entraron a una región poblada dispersamente por grupos de proto-mayas dividiéndolos en dos, quedando al norte los huastecos. Esto significa que después de este rompimiento, hubo un desplazamiento todavía más hacia el norte por parte de la gente de habla proto-huastecana y luego un movimiento hacia el sur por parte de la gente de habla chicomucelteca.

En términos generales, el panorama lingüístico nos muestra una antigua relación existente en la superárea del sureste mexicano y centroamérica, si bien el norte de Yucatán mantiene una dinámica propia, pues las lenguas de esta región se separaron de

las más estrechamente relacionadas del área central y las cuencas de los ríos Usumacinta y Motagua. Es de considerarse las vías fluviales como un factor importante que pudo haber facilitado las relaciones entre grupos. A la postre esto pudo haber redundado en la separación de las lenguas yucatecanas, de las cuales subrayamos su tardía homogeneización, indicada por Valiñas hacia el 900 dC. En términos genéticos la población maya presenta linajes mitocondriales muy antiguos y muy variables (González-Sobrino, 2016:154), de manera que a pesar de la tardía homogeneización de las lenguas yucatecanas, biológicamente ya estaban definidas las estructuras genéticas que permiten diferenciar al área maya del resto de Mesoamérica. Por supuesto los desplazamientos ocurridos entre las tierras bajas, las tierras altas y la costa del golfo identificadas lingüísticamente, fueron la dinámica de intercambio que permitió integrar la estructura de ancestría biológica maya. Más aún, hemos identificado que los grupos mayas de la península conservan una mayor distancia genética con respecto de etnias centroamericanas que los grupos mayas asentados en el altiplano guatemalteco o la cuenca del Motagua. Esto explica en parte por qué en nuestro análisis de  $F_{ST}$ , las muestras del *Chultún* de Chichén Itzá distan de Copán e incluso de Xcaret, centro urbano de la costa occidental, ruta de acceso de los grupos cholanos beliceños, si seguimos la propuesta lingüística.

Los pueblos mayas mantenían una estrecha relación cultural y comercial la cual obedecía por una parte a la cercanía lingüística de los idiomas y también por la facilidad de tránsito en la zona de las tierras bajas. Cabe señalar que debido a las condiciones orográficas, tanto arqueológica como etnográficamente, suele distinguirse entre grupos mayas de las regiones montañosas y de las tierras bajas; en cada división también están presentes una pluralidad de pueblos y prácticas (Clark *et al*, 2000:441). Con estos antecedentes, podemos inferir que la variabilidad biológica entre la gente de los pueblos mayas es poca y que probablemente las divergencias existan entre las poblaciones de las tierras bajas y de la región montañosa, pues en un terreno plano es más fácil el tránsito, facilitándose la interacción de la gente.

Ahora bien, las condiciones medioambientales influyen en el devenir de las poblaciones humanas y por supuesto, en las características que les definen no solamente en el aspecto cultural o de la cultura material que producen, sino también en términos

biológicos. Durante la época prehispánica, los mayas habitaron un extenso territorio con diferentes climas y variada vegetación; montañas y planicies, selvas con alta precipitación pluvial y sitios secos, tierras con ríos, lagos y cascadas, y una buena extensión de costas. Pese a la diversidad de la biósfera, esta clase de terrenos son agrestes para el desarrollo de la agricultura, por lo que el desarrollo de sociedades estratificadas implicó una organización social precisa en torno a la lectura de los tiempos y la administración del agua (v. Becker, 1996).

Las sociedades mayas del Preclásico terminal al Posclásico (300 aC a 1524 dC), estuvieron compuestas por unidades agrarias estratificadas internamente y jerárquicamente organizadas dentro de una estructura mayor: las ciudades-Estado. Estas unidades agrarias eran asentamientos relativamente compactos practicantes del cultivo itinerante y rotatorio (tumba, roza y quema) sin interdependencia económica y aglutinados bajo la autoridad de una élite dirigente ubicada en la cabecera de la ciudad-Estado. Este patrón de asentamiento entrará en conflicto con las prácticas europeas instauradas en la colonia, como veremos más adelante. (Farriss, 2012:20-21).

Culturalmente, el área maya suele dividirse en norte, centro y sur (Fig. 4). Estas dos últimas han tenido una relación cultural más próxima, mientras que el norte adquirió relevancia a partir del Epiclásico. El centro y sur del área maya pueden dividirse en cuatro subregiones: Petén, cuenca del río Usumacinta, cuenca del río Motagua y altiplano meridional; esta última es la región de la montaña. (Benavides Castillo, 2001a)

En las cuencas de los ríos Usumacinta y Motagua el ecosistema es húmedo y la vegetación es selvática. En la parte central de las tierras bajas se puede rastrear a los mayas hasta cerca del 1000 aC. Tanto en la región montañosa como en las tierras bajas, existió una continuidad histórica en las prácticas culturales y los estilos artísticos desde antes del Clásico. Los desarrollos urbanos emergen hacia el 1100 aC en las tierras bajas de la costa del Golfo, específicamente en San Lorenzo, donde se presume que las actividades principales eran el intercambio comercial y el culto. Desde ahí, la influencia olmeca se extendió rápidamente a través de todas las regiones mesoamericanas y el Pacífico chiapaneco estrechó lazos con este importante centro. Tras la caída de San Lorenzo y la emergencia de La Venta hacia el 900 aC, los antiguos subalternos empezaron a estructurar sus propios gobiernos en sus pequeñas regiones.

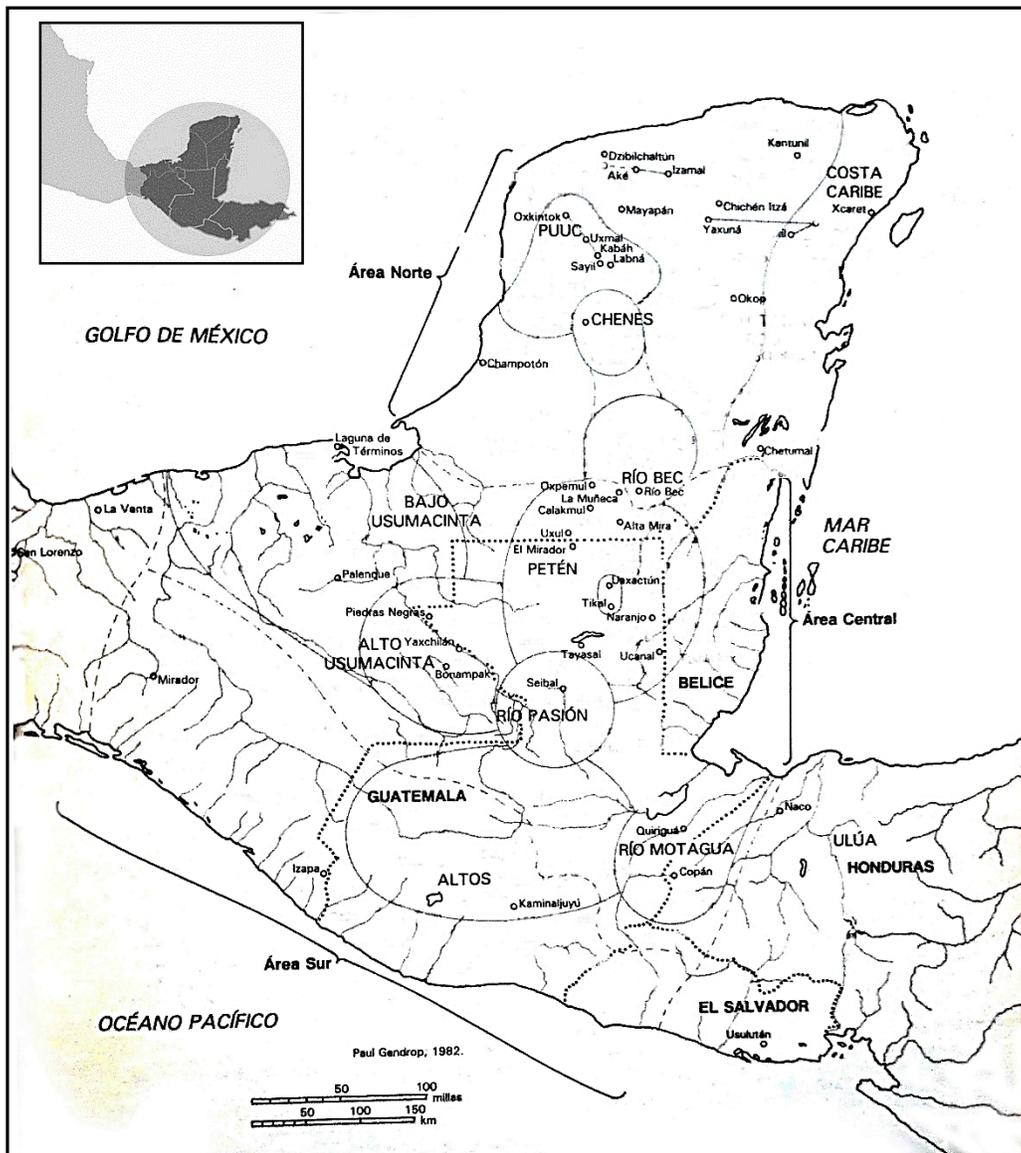


Figura 4. **Ubicación geográfica.** Los mayas ocuparon un vasto territorio compuesto por organizaciones regionales identificadas arqueológicamente por la arquitectura y por el entorno medioambiental (Imagen: modificado de Gandrop, 1997)

En las regiones montañosas y el centro del Petén, las comunidades parecen haber sido establecidas por los propios pueblos mayas que ya habían empleado estas regiones como territorios de caza. Entre el 800 aC y el 600 aC, ya podemos hablar de grupos que consolidan un sistema uniforme de prácticas culturales, producción artefactual, de técnicas constructivas y del establecimiento de un sistema de intercambio a larga distancia. En este periodo, se establece una política comercial mucho más abierta y el maíz ha sido completamente domesticado. Estas condiciones propiciaron que la

interacción entre la costa del Golfo, el Pacífico chiapaneco, las regiones montañosas alcanzara a la totalidad del Petén y empezara a abrirse paso hacia el norte del área maya (Clark *et al*, 2000).

Es decir, durante cerca de 2,000 años, los grupos humanos asentados en esta región comenzaron un proceso de estratificación social que desembocó en el desarrollo de redes de intercambio que estuvieron vigentes hasta la época de contacto. La relación entre el golfo de México, el Petén y la península de Yucatán, posibilitó el contacto del área maya con el Altiplano mexicano, circunstancia destacable en el Clásico a través de la presencia de rasgos teotihuacanos en el área y posteriormente, importante factor en la conformación de la red de intercambio de los mayas chontales, grupos con influencia nahua que tomaron el control de las rutas comerciales del norte de Yucatán durante el Epiclásico (v. Thompson, 1970:3-47)

La península de Yucatán es un territorio plano cercano a los 150,000 km<sup>2</sup> formado por roca caliza. Fisiográficamente se divide en las zonas costeras occidental, norte y caribeña así como los distritos de Mérida, Serranía del Puuc, Bolonchén, de los ríos Candelaria y San Pedro, Río Bec y Río Hondo. La zona es cálida y la humedad varía según la cercanía con cuerpos de agua o la precipitación pluvial que tiene lugar entre mayo y septiembre.

Esta zona se le relaciona fácilmente con los desarrollos del Epiclásico y el Posclásico; pero principalmente en el extremo norte, se ha identificado un complejo de sitios arqueológicos que comparten un mismo estilo arquitectónico que aparece relacionado a cerámica del Preclásico tardío y Clásico temprano. Este desarrollo no cuenta con manifestaciones epigráficas, sin embargo es claramente identificable por el sistema constructivo: se le ha denominado *Estilo Megalítico* porque las estructuras están hechas con bloques de más de un metro de largo, redondeadas y junteadas con piedras de rejoneo. Presentan restos de enlucido y es un estilo muy particular que sólo ha sido identificado en 25 sitios ubicados en la región norcentral de Yucatán la serranía Puuc y en sitios como Izamal, El Naranjal y Cenote Aké. Esto significa que en el norte de la península hubo una red de interacción muy específica que precedió a la división oriente-occidente que caracterizó a la península en el Clásico tardío y el Posclásico (Mathews y Maldonado Cárdenas, 2006).

Es decir, al final del Preclásico el complejo de características distintivas de lo “maya” estaba gestándose entre los pueblos del centro-sur del área. Para el 300 aC las tierras bajas ya se habían integrado en una extensa red donde cada asentamiento principal era el centro de varias comunidades menores dependientes de los gobernantes del centro regional. Es una época donde la creciente interacción socioeconómica permitió el intercambio a larga distancia de una amplia gama de productos, siendo los principales la obsidiana, el jade y la concha marina.

En el periodo Clásico, los grandes asentamientos establecieron redes de comercio con Teotihuacan. Es la época donde se consolidan la arquitectura, el sistema de creencias, las técnicas de explotación agrícola, la escultura, la epigrafía y la astronomía que caracterizan a la cultura maya prehispánica. Este esplendor cultural fue posible en razón de la complejización de las sociedades y de la interacción entre los señoríos, de modo que la región centro-sur se convirtió en el escenario de importantes rutas de distribución que iban del Altiplano central mexicano a Centroamérica. Al mismo tiempo, en el norte empezaba construirse la red de cacicazgos relacionadas al comercio marítimo (Cardos de Méndez, 1959).

En la región central del área maya destaca en el Clásico Tikal, ciudad monumental que se erigió como una de las más importantes capitales regionales de la época, concentrando población, actividades y conocimientos que marcaron la pauta para otros sitios del Petén como Calakmul, La Muñeca, El Mirador, Nakbé y Río Azul. En ello tuvieron un papel definitivo las relaciones comerciales de Tikal con el altiplano mexicano, donde prosperaban ciudades como Teotihuacan y Cholula. Hacia 292 dC, la centralización del poder político en el linaje legitimado por su relación con las deidades llevó a formalizar y regular el papel de los demás integrantes de la sociedad. A través de las manifestaciones gráficas se consignaban las alianzas que establecían las élites con el centro político más importante del altiplano: Teotihuacan. Así, tenemos por ejemplo que en Uaxactún, centro dependiente de Tikal ocupado desde el preclásico medio, la pintura mural representa personajes mayas junto con otros que parecen ser teotihuacanos o al menos portan elementos asignables a esa sociedad.

El crecimiento de Tikal fue además favorecido por sus nexos con la región del altiplano guatemalteco, en particular con Kaminaljuyú, a cuyo poderío se sumaba la fuerte relación

con Teotihuacan. De esa manera se consolidó un intenso movimiento comercial con implicaciones políticas, económicas e incluso estéticas. Este fenómeno parece haberse iniciado hacia 378 dC, época en que el estilo escultórico y la indumentaria de los personajes retratados en las estelas de Tikal remiten a la tradición teotihuacana. La ubicación de Tikal también tuvo que ver en su notable desarrollo: se halla en una zona de colinas bajas que constituyen el parteaguas de dos sistemas fluviales: uno hacia el Golfo de México y otro hacia el Caribe. Las colinas tiene yacimientos de pedernal y al oriente y poniente de la ciudad existen sectores inundables en los que se practicó la agricultura extensiva. Estas circunstancias explican su crecimiento hasta convertirse en una de las principales ciudades del Petén.

El norte del Petén (actualmente dentro del territorio de Campeche), tuvo a Calakmul como capital regional, también con aportaciones teotihuacanas. Calakmul estableció relaciones con diversos sitios: Oxpemul, La Muñeca, Altamira, Naachtún, Uxul y Sasilhá. Por otra parte, en la cuenca del Usumacinta, los principales actores fueron Yaxchilán, Palenque y Piedras Negras. En un principio Yaxchilán estuvo bajo la hegemonía de Tikal, a partir del 514 dC comenzó a cobrar relevancia política y económica mediante el control del tráfico comercial a lo largo de este enorme afluente. Su posición estratégica le permitía controlar el flujo de personas y mercancías entre la costa del Golfo y la zona del río de la Pasión, así como entre el Petén y los altos de Chiapas y Guatemala. (Benavides Castillo, 2001a)

En el actual territorio guatemalteco, la cuenca del río Motagua tuvo dos importantes ciudades: Copán y Quiriguá. Hacia el 564 dC, Copán se consolidó como capital regional. Este núcleo urbano tuvo también influencia teotihuacana, aunque su actividad esencial fue controlar la ruta de la obsidiana guatemalteca, los yacimientos de jadeíta de Guaytán y tenía el control del comercio fluvial a lo largo del Motagua, los recursos del Lago Izabal y el puerto de Nito, principal de la ruta costera del Caribe. Hacia el 737 dC, Quiriguá derrota a Copán y se entroniza en la administración de este sistema.

En el altiplano guatemalteco, como lo hemos señalado arriba, desde el Clásico temprano la ciudad de mayor relevancia fue Kaminaljuyú. Con profundos antecedentes preclásicos, este sitio dominó a múltiples asentamientos de la compleja orografía regional y de la costa del Pacífico. Su hegemonía fue reforzada al establecer alianzas con

Teotihuacan, para quien este enclave fue fundamental en la expansión del comercio y la ideología en el mundo maya meridional. Como lo hemos señalado, el binomio Kaminaljuyú-Teotihuacan tuvo como socio en el corazón del Petén a Tikal y de ello se conservan registros a partir del 378 dC. La relación entre ambos llegó a ser tan estrecha que alrededor del 500 dC parece haberse establecido un “barrio” teotihuacano, lo que permitió a Kaminaljuyú afianzar los lazos políticos y económicos que permitieron controlar los asentamientos de la región. Buena parte de la arquitectura monumental fue transformada para lucir el talud-tablero teotihuacano, las escalinatas con alfardas lisas y los techos con almenas. La cerámica maya también adquirió formas y motivos comunes en Teotihuacan.

Entre los años 534 y 593 dC hubo una especie de crisis económica que afectó a la región. Este periodo de estancamiento es conocido como *hiato* y se explica por dos razones: el ocaso teotihuacano con la consecuente interrupción del comercio en el sur del área maya y el fortalecimiento de otras ciudades rivales de Tikal. Durante este momento histórico cesa la producción de estelas en el área maya central como resultado de la suspensión de relaciones comerciales con Teotihuacan, el principal centro urbano del clásico cuya área de influencia fue bastante extensa. En este periodo de reacomodo de élites gobernantes, los centros urbanos de la península de Yucatán emergen imponiendo cambios estilísticos y esto se traducirá, por supuesto, en el cambio de las rutas de migración y la recomposición poblacional de las ciudades.

Tikal perdió su fuerza de antaño y mantuvo el control de un territorio menor. Las relaciones entre los distintos asentamientos del Petén en esa época parecen haber incluido alianzas comerciales, militares y matrimoniales extendiéndose ocasionalmente hasta las cuencas del Usumacinta, del Motagua o bien del norte del Petén. Este periodo también marcó el declive de Kaminaljuyú, la cual empezó a desintegrarse en el 600 dC. (*ibidem*)

Tras el *hiato*, el clásico tardío se caracterizó por un auge constructivo y una revitalización de la cultura maya en la que también parece haberse dado un fuerte incremento demográfico, posiblemente mantenido por la práctica de varios sistemas de agricultura intensiva. Entre 731 y 790 dC se erigieron más estelas que nunca, pese a ello este auge duró poco: a finales del siglo VI se disgregan núcleos urbanos y la población

sufre un considerable descenso. Surgen también nuevas formas de gobierno y de organización política, las cuales son de corte militarista y privilegian las relaciones comerciales con la costa del golfo, El Tajín, Cacaxtla y Xochicalco. Estableciéndose una esfera de intercambio ideológico y mercantil entre los pueblos chontales y los pueblos mayas yucatecos y del Petén (Piña Chan, 1993:7-10; Gallenkamp, 1997:185-189).

La prosperidad de los sitios peteneros desapareció alrededor del año 900, cuando parece haber ocurrido la irrupción de otra etnia maya que dominó políticamente durante varias décadas para luego desintegrarse como sistema de gobierno. Esto se ve manifiesto en sitios como Altar de Sacrificios, Seibal y Ucana. Más aún, Río Azul -al noroeste de Tikal-, a principios del siglo V muestra evidencia de relación de las élites locales con el altiplano mexicano en los hallazgos de vasijas teotihuacanas en los entierros de dignatarios. Más adelante, en la segunda mitad del siglo VI, fortaleció su relación con los sitios de la península yucateca pues se ha documentado la alta presencia de cerámica Puuc.

Un tema destacable es la influencia del Petén en la península yucateca. Se trata de la copia de estilos del denominado *Viejo Imperio* (el modelo del Clásico en el sur de área maya) el cual resurgió como *Nuevo Imperio*. A este episodio se le conoce como *Floreciente*. Sin embargo aquí hay algo de especial importancia para el estudio de los grupos mayas y su movilidad: lo Petén no parece haber sido solamente un estilo arquitectónico o escultórico. Tampoco se restringe a la orografía o el entorno ecológico. Es un conjunto de elementos que están estrechamente entrelazados, que abarcan varios periodos, que se localizan en gran parte del área y que son tangibles en los vestigios materiales.

Si bien su núcleo estilístico está delimitado con cierta claridad, los vestigios “peteneros” también se encuentran en toda la península yucateca en un periodo que abarca del 300 aC al 600 dC, este estilo, -identificado por algunos autores como un periodo histórico con una manera propia de vivir y expresarse- tuvo variantes regionales, identificadas principalmente con los estilos arquitectónicos Río Bec, Chenes y Puuc. Por otra parte, en los estudios de lingüística se mencionan el maya yucateco, el maya chontal, el chol y otras lenguas como variantes de un mismo taxón lingüístico. En cerámica se clasifican diferentes estilos y lozas. Se habla entonces de un mismo fenómeno a través de la

materia de estudio de diferentes disciplinas antropológicas, por ello, podemos plantear entonces que lo petén es la cultura maya “base”, tradición cultural difundida en toda la región maya durante los primeros siglos de nuestra era, que dio origen a la variedad de elementos surgidos en la península de Yucatán en el Clásico tardío.

Todo lo anterior nos permite tener una idea sobre los movimientos poblacionales en la región maya: se trata de grupos con un constante intercambio interno manifiesto en el sólido núcleo cultural que comparten; la jerarquización de las ciudades-Estado posibilitó la relación de las élites locales más poderosas con la metrópolis teotihuacana, esto a su vez muestra a la región maya como un espacio de constante paso de mercancías, ideas y personas. Esto no necesariamente implica la mezcla a gran escala de grupos humanos del centro de México con la población local, pero sí permite considerar la posibilidad de intercambios matrimoniales entre la élite, sobre todo si existieron barrios teotihuacanos en el área maya, como nos muestra la evidencia arqueológica de Kaminaljuyú (Benavides Castillo, 2001a).

El *corpus* osteológico analizado en la presente investigación es consistente con las estructuras genéticas observadas para centro y sur de México: el haplogrupo A está altamente representado, siguiéndole el haplogrupo B y el D. No encontramos haplogrupo C, el cual se ha observado un porcentaje bajo en la región yucateca (González-Sobrino *et al*, 2016). Esta variabilidad es también consistente con la distribución de frecuencias observada en la región mesoamericana, sin embargo, la alta representación del haplogrupo A, así como la especificidad de algunos haplotipos particulares de la población maya reportada por otros investigadores (González-Sobrino, 2016:154), son un indicativo de ese constante intercambio interno mencionado por los autores del área maya.

Es importante tener los antecedentes de los procesos históricos que desembocaron en Chichén Itzá y para ello debemos remitirnos al fin del Clásico maya. Para Thompson, la excesiva carga de trabajo y de tributo sobre el campesinado provocó revueltas sangrientas que eliminaron a las familias gobernantes, originando el reacomodo del sistema de gobierno y de la dinámica en las relaciones con otras regiones. Más aún, en los años sesenta también se descubrió que la densidad de población excedía las posibilidades del sistema de agricultura extensiva, pues se observó con detenimiento que

alrededor de los edificios monumentales de los antiguos sitios existía una gran cantidad de construcciones menores. Esto desembocó en el abandono de los viejos centros urbanos, la dispersión de los grupos poblacionales y su reorganización bajo la égida de nuevos regímenes (*passim*, Thompson, 1970). A una etapa de desarrollos regionales imbuida por la religiosidad y de poca movilidad social en los sistemas centralistas, sigue otra de fuerte competitividad en la que el recurso de las armas se convierte en fuente de poder y donde unos pocos estados llevan a cabo acciones de carácter hegemónico. Es decir, el horizonte Posclásico es un tiempo de reorientación de las pautas fundamentales de la tradición cultural mesoamericana (Gallenkamp, 1997:173-183).

Este fenómeno acentuó la división del área maya en dos principales regiones: por una parte la zona central, donde está mejor documentado el colapso de la civilización clásica y donde la demografía sufre fuertes trastornos a partir del siglo IX. Por otra parte, el norte, el cual empieza a tener un papel preponderante a partir de la fusión de la tradición Puuc con los elementos toltecas en Chichén Itzá, posteriormente con el auge de Mayapán y la atomización de los grandes centros urbanos en pequeños enclaves relacionados al comercio costero del Caribe y por último la diáspora y reasentamiento acontecidos tras la desaparición de ese centro. Por su parte, la región del golfo, cuya importancia como punto de convergencia de diferentes grupos en tránsito es una de sus principales características desde el Preclásico. La región circundante a la Laguna de Términos se considera el más importante foco de dispersión y encrucijada donde se mezclaron las tradiciones del altiplano con las mayas desde el Preclásico. Por este motivo, incluimos en nuestro análisis de distancias génicas muestras prehispánicas del Altiplano central mexicano.

La dinámica social en la península de Yucatán tuvo su propio ritmo. Recordemos que esta región es cálida y que la humedad varía de acuerdo con el temporal o la cercanía de cuerpos de agua; en la zona no hay ríos. Si bien comparte con el Petén las características orográficas, la hidrología es notablemente diferente. Además, es en esta zona donde se sucede el tránsito de la costa del golfo a la costa del Caribe. El norte de la zona maya durante el Epiclásico (900-1100 dC) cifra su relevancia como centro rector del mundo maya, pues en este periodo se establece la hegemonía de la Liga de Mayapán

(constituida por Chichén Itzá, Uxmal, Mayapán e Izamal) y el esplendor de la ciudad de Chichén. Es una época en donde tras el descenso de la influencia teotihuacana en la zona, emerge una relación notablemente intensa con la región de Tula, en el estado de Hidalgo. Actualmente en la región se encuentran asentados los otomíes, por lo que decidimos incluir en el *corpus* de análisis bioestadístico, las frecuencias de haplogrupos mitocondriales de pobladores indígenas del Valle del Mezquital.

El comienzo del horizonte Posclásico en las tierras bajas septentrionales indudablemente está ligado a la influencia tolteca. Algunos autores consideran que hubo una migración de gente de Tula alrededor del 950 dC, la cual siguió un trayecto conocido: la que condujo a los mayas chontales de la costa del golfo a ocupar Chichén Itzá 100 años atrás, pero el origen de los “toltecas” de Chichén Itzá no se conoce. Dada la mayor antigüedad de las manifestaciones toltecas de Chichén, algunos autores están apuntando en sentido contrario a la tradicional hipótesis de la migración Altiplano-Chichén y apuntan que los chontales-itzaes y los mayas-toltecas se enfrentaron por el control de la ciudad, hasta que una facción de estos últimos emigró al altiplano mexicano donde fundaría Tula (Piña Chan, 1993:32-64).

El predominio de la toltequizada Chichén Itzá termina hacia mediados del siglo XIII y la sucede Mayapán, punto de convivencia de varios grupos étnicos que se las arreglan para mantener, durante dos siglos una alianza política apoyada en la reivindicación del legado del Clásico. El equilibrio se rompe en el siglo XV, produciéndose un éxodo que configura a través del reparto de Yucatán entre las unidades de filiación común, el panorama geopolítico que hallaron los españoles. Estos reacomodos fueron posibles en el contexto de un orden político nuevo que emergía para paliar la profunda desorientación acontecida tras la caída de los centros urbanos del Clásico. En este sentido, se destaca el éxito adaptativo de la civilización maya clásica, la cual muy temprano desarrolló un orden político enormemente cohesivo y capaz de mantener un equilibrio entre la natural tendencia al aislamiento en un entorno ecológico agreste como lo es la selva húmeda. La quiebra de este sistema condujo al cuestionamiento de la legitimidad del orden político existente. Claro que los estados surgidos en ese momento, recurrieron al sustento ideológico propio del Clásico para en algún momento dado el estamento gobernante pudiera recuperar la estabilidad que había perdido (Rivera Dorado, 2001).

Ahora bien, retomando el asunto de la distribución espacial en torno a las fuentes de agua, recordemos que esto guarda estrecha relación con el devenir demográfico en una región. Es decir, el medio físico simplemente define las posibilidades e influye en las elecciones pero no dicta por sí mismo cómo la gente se organizará respecto al terreno. Podría argumentarse que la producción intensificada de alimentos -manifiesta en los campos elevados y sistemas hidráulicos que se han encontrado en el registro arqueológico., la agrupación de la población y la integración sociopolítica son adaptaciones al crecimiento demográfico y que durante el Posclásico con su decremento demográfico, los mayas volvieron por completo a la agricultura de milpa y a un esquema de asentamientos más disperso, a la vez que retuvieron cierta forma de organización comunitaria. Así, la presión demográfica o un aumento en la proporción de trabajo por terreno disponible, sería el estímulo más plausible para la intensificación de la agricultura, aunque tenemos en cuenta que el crecimiento demográfico no es una fuerza inexorable, sino más bien resultado de una elección y que las sociedades preindustriales fueron capaces de mantener su volumen alrededor o debajo de los límites impuestos por la disponibilidad de alimentos.

También es difícil aceptar la presión demográfica como fuerza motriz primaria tras los fenómenos interrelacionados de agrupación de la población e integración sociopolítica. Para las tierras bajas mayas, un aumento general de población parece correlacionarse con un tamaño y una complejidad crecientes de las comunidades en el Preclásico y el Clásico. Pero aún no está claro que el aumento haya precedido o causado esos acontecimientos relacionados, así como tampoco podemos determinar con precisión el vínculo entre el cambio demográfico y la desintegración de los principales centros urbanos al final del Clásico. Las guerras incesantes entre los mayas durante el Posclásico y su vigorosa defensa de los títulos de propiedad comunitarios después de la conquista parecen sugerir presiones sobre el territorio agrícola. Sin embargo no tenían tanto que ver con la tierra en sí cuanto con la jurisdicción sobre determinado territorio. En este periodo, los cambios demográficos son notorios. Por ejemplo, en el sitio arqueológico costero de Chac Mool, hubo un aumento en las tasas brutas de mortalidad (Hernández Espinoza y Márquez Morfín, 2006) y reportan una escasa presencia de individuos subadultos y femeninos. Esto lo explican en razón de las drásticas afectaciones a las

condiciones de salud y nutrición sufridas por esta población durante este periodo, en donde inmigran a la costa oriental grupos desplazados por el crecimiento de Chichén Itzá (Márquez Morfín y Hernández Espinoza, 2006). Es decir, los desplazamientos poblacionales no solamente están incidiendo en el incremento en frecuencia de linajes escasamente representados en el área maya, sino también, en la reducción de variabilidad al crecer la mortandad entre los asentamientos urbanos dependientes del gran centro rector.

Recapitulando, en el presente apartado revisamos las condiciones culturales que están influyendo en la distribución de frecuencias haplotípicas en las poblaciones mayas prehispánicas y actuales. Durante gran parte de la época prehispánica, el área constituyó el paso obligado de las mercaderías del altiplano mexicano hacia el altiplano guatemalteco, siendo durante el posclásico cuando la interacción es más intensa entre los enclaves peninsulares, relacionados directamente al comercio marítimo de los putunes entre la costa del gofo y el caribe. Más adelante revisaremos las propuestas de migración que se han hecho desde el enfoque en biología molecular: una de ellas propone que los mayas fueron desplazándose hacia la región de las Antillas (v. Moreno-Estrada *et al*, 2013). A lo largo del presente estudio, nosotros propondremos que las distancias genéticas observadas entre los actuales mayas y los antiguos pobladores mesoamericanos, indican una conservación de la variabilidad local a diferencia de la cercanía de los mayas guatemaltecos con las Antillas. Consideramos que esto se debió en gran medida al sistema socioeconómico novohispano, donde se privilegió la conservación de las “castas” y se cambió completamente el panorama mercantil: dejó de tener sentido el trasiego de mercaderías como el jade, girando el comercio en torno a los intereses de intercambio occidentales, motivando con ello que los mayas prefirieran escapar del sistema de explotación en encomiendas (y luego en haciendas) y por ende, renunciando al intensivo tránsito de personas por motivos mercantiles. Esto significa que las comunidades tenían poca variabilidad poblacional, pues estamos ante grupos relativamente cerrados. En el mismo sentido, desde la perspectiva diacrónica, la distribución de frecuencias haplotípicas ha variado poco entre los mayas actuales y las poblaciones prehispánicas. Esto nos servirá para poder plantear hipótesis sobre la

cercanía biológica de los pueblos antiguos y eventualmente proponer el estrechamiento de lazos entre la península y el Altiplano central mexicano en el periodo conocido como Posclásico.

### **1.3. Chichén Itzá y los ritmos de cambio en el área maya**

La zona norte empezó adquirir notoriedad tras el hiato y a lo largo del Clásico Terminal (800/900 al 1000 dC), época en que empezaron a disgregarse las unidades políticas encabezadas por las dinastías rectoras y en algunos lugares de la península, podemos decir que las edificaciones anteriores fueron remodeladas o reemplazadas. Esta etapa se encuentra poco documentada excepción hecha de sitios como Chichén Itzá, Edzná y Kabah. En consecuencia la población disminuyó en las ciudades y se gestaron nuevas formas de gobierno y de organización económica.

En esta fase la península estrechó relaciones con la costa del golfo y sitios como El Tajín, Cacaxtla y Xochicalco. Los mayas chontales empiezan a adquirir notoriedad ideológica y económica, de modo que varios sitios presentan elementos escultóricos, arquitectónicos y cerámicos específicos de esta época a los cuales se les atribuye un origen foráneo. Estos rasgos –que denotan el cambio en las estructuras políticas así como en las rutas comerciales peninsulares- están presentes en Uxmal, Kabah, Sayil, Oxkintok, Edzná, Champotón, Jaina, Nohmul y Barton Ramie. Siendo Chichén Itzá el sitio más estudiado y por ende el espacio en donde más controversias académicas se dirimen. (Rivera Dorado, 2001)

Después del colapso de las ciudades del área central, gran número de supervivientes emigraron hacia la parte superior de la península, difundiendo en la zona sus conocimientos y tecnologías. Durante mucho tiempo se manejó que estos inmigrantes fundaron Uxmal, Chichén Itzá, Kabah, Sayil y Labná entre 900 y 1200 dC, complejos arquitectónicos sumamente espectaculares. Así es como se acuñó el término *Nuevo Imperio o Florecimiento*.

Conforme los estudios de epigrafía fueron avanzando, la cronología fue ajustándose de modo que a través de los estudios arqueológicos las hipótesis sobre los desarrollos culturales en el septentrión maya fueron perfilando una época comprendida entre 475 y 889 dC, donde ya existían en la zona grupos versados en cultura jeroglífica y en el

calendario, es decir, mucho antes de que el área central fuera abandonada. Así, los distritos de los estilos Chenes, Río Bec y Puuc alcanzaron su prominencia hacia finales del Clásico y estuvieron ocupadas durante varios siglos. Para algunos, estas tradiciones eran representantes de una extensión del Clásico maya que logró sobrevivir en la influencia de emigrados del Petén y de la cuenca del Usumacinta, quienes comenzaron a desplazarse hacia el norte a principios del siglo IX. Tomando en cuenta la ascendencia de las ciudades de estos distritos durante el denominado floreciente (900 al 1100 dC), es viable considerar que la cultura maya no atravesó un proceso de decadencia en el norte, sino que fue aquí donde aconteció un proceso de resurgimiento que posibilitó la existencia de nuevas poblaciones durante algunos siglos. Es decir, la civilización maya encontró un renacimiento temporal redirigido en la península por ideales ajenos.

En este escenario, una ciudad es la que se ha distinguido entre todas: Chichén Itzá, cuya existencia era conocida desde tiempos de la conquista pero que fue excavada sistemáticamente hasta 1924, cuando la Institución Carnegie inició ahí un proyecto de diez años bajo la supervisión de Sylvanus Morley. Sin embargo antes de esa época ya se había observado en ella una particularidad: en contraste con los numerosos edificios tempranos en los que predomina el estilo Puuc, gran parte de la arquitectura de Chichén Itzá refleja elementos ajenos a los mayas, por ejemplo el Templo de Kukulcán, el Templo de los jaguares, el juego de pelota, el Templo de los guerreros y por supuesto, el observatorio conocido como “el Caracol”. Otra innovación en Chichén Itzá fue la construcción de plataformas cuadradas, probablemente escenarios de ceremonias. Una tercera en forma de T y decorada con hileras de calaveras humanas esculpidas en bajorrelieve. Este tipo de plataformas han sido comunes en el centro de México.

Además de las características arquitectónicas, en Chichén Itzá se podía ver cierto número de nuevos motivos esculturales adornando muros de templos y columnas se encontraban docenas de guerreros cuya vestimenta y apariencia física eran notoriamente diferentes: portan petos de algodón con pectorales en forma de mariposa y llevan escudos, *atlatleme*, lanzas y *macuáhuitleme* con navajas de pedernal o de obsidiana. Enormes columnas y balaustradas esculpidas para representar serpientes emplumadas, flanqueando las puertas y escalinatas. Hileras de águilas y jaguares agazapados agarrando corazones humanos, estaban esculpidas en altorrelieve en los muros.

Todos estos rasgos arquitectónicos y escultóricos eran ajenos a los mayas y estaban claramente duplicados en los sitios de la Cuenca de México, por lo que las primeras hipótesis se formularon con la imagen de unos intrusos belicosos provenientes del altiplano mexicano quienes habían tomado el control de la ciudad. De hecho en el Templo de los jaguares hay un mural que representa líneas de batalla entre los defensores mayas y los guerreros extranjeros, cuyas armas y vestidos se asemejan a las figuras presentes en la escultura de Chichén Itzá. Al contrastar esta información con fuentes documentales como los *Libros de Chilam Balam* y la *Relación de Landa*, en ellas se menciona el importante papel de los itzaes un pueblo que transformó la ciudad de Chichén en una poderosa capital muy semejante a Tula, en el altiplano mexicano, asentamiento donde se ha recuperado información estilística y cronológica que permiten proponerlo como el origen del mencionado estilo. (Gallencamp, 1997)

Las comparaciones continúan en nuestros días. En lo referente a la configuración de las plazas principales de Chichén Itzá y Tula, existen similitudes en la orientación de los monumentos; en la articulación pirámide-templos elevados sobre un patio abierto; en la presencia de amplios recintos columnados (el Palacio Quemado en Tula y el Grupo de las Mil Columnas en Chichén), y en la existencia de edificios casi idénticos (la Pirámide de Tlahuizcalpantecuhtli en la ciudad tolteca y el Templo de los Guerreros en la peninsular). Obviamente, los paralelismos no se limitan a la arquitectura; se extienden a numerosas expresiones culturales como los mitos, los relatos históricos, los artefactos, la pintura mural y, especialmente, la escultura. En los dos sitios se encuentran esculturas de bulto, entre las cuales destacan los atlantes que sostienen dinteles o altares, las imágenes conocidas como *chacmool*, las columnas en forma de serpientes emplumadas descendentes y los portaestandartes de rasgos humanos o animales. También abundan las pilastras, las banquetas, los tableros y otros elementos arquitectónicos decorados con bajorrelieves alusivos a la guerra y el sacrificio: aves y felinos devorando corazones, procesiones de guerreros, seres míticos con partes de hombre, ave y reptil, así como guerreros ricamente ataviados y armados con propulsores y dardos (López Austin y López Luján, 1999:21-23).

La relación Chichén-Tula siempre ha suscitado interés en los investigadores y las hipótesis han ido complejizándose. Desde el descubrimiento de la ciudad hasta mediados

del siglo xx, la relación entre ambas ciudades se concebía desde el enfrentamiento de dos sociedades diferentes donde alguna resultó sometida; si bien en la mayoría de los modelos Tula aparece como el motor de este proceso, algunos otros proponen que en realidad grupos oriundos del norte de Yucatán fundaron una colonia el Tula.

Posteriormente, se consideró que la relación entre el altiplano mexicano y el norte de la península de Yucatán estuvo sostenida en redes de complementariedad y colaboración entre diversas sociedades a lo largo de la ruta. El representante por excelencia es Thompson (1970), que como hemos visto, atribuye un papel central a los itzaes, a los que se les atribuyen diversas filiaciones étnicas: se les considera toltecas, “mexicanos” mayanizados o como lo plantea Thompson, mayas “mexicanizados”. Este mismo autor identifica a los itzaes como los mercaderes putunes, quienes se habrían asentado en Chichén en el siglo x. Posibilitando que tiempo después se asentaran en la ciudad los seguidores de su aliado Quetzalcóatl.

Hoy en día se considera que las sociedades mayas siempre participaron en una intensa red de relaciones con el resto de Mesoamérica. Los vínculos pudieron potenciarse en el siglo ix, dando a los mayas una concepción cosmopolita del mundo. En su libro *Mito y realidad de Zuyuá*, (1999) Alfredo López Austin y Leonardo López Luján proponen que existió en Chichén Itzá la evidente intención de reproducir elementos de un estilo proveniente del Centro de México. Esto significa que el sentido de la corriente—independientemente de quiénes hayan sido sus agentes históricos— fue del Altiplano mexicano al territorio maya, puesto que algunos elementos culturales atribuidos a Tula tienen sus antecedentes 500 años atrás, en el norte de Mesoamérica. Se remontan a los trabajos de Marie-Areti Hers quien plantea un énfasis militarista en las sociedades clásicas de Jalisco. Zacatecas y Durango, basada en sus hallazgos de los que parecen ser ejemplos los más antiguos de las salas hipóstilas, el *tzompantli* y quizás, el chacmool. Esta autora sostiene que grupos humanos de la Cultura Chalchihuites dieron origen, junto a los nonoalcas, a la tradición tolteca.

Los autores estiman que estos fenómenos artísticos están inmersos en procesos mucho más complejos, y que tienen que ver con estrategias políticas e ideológicas propias de un nuevo sistema de organización: hay otra concepción del poder. En el mismo sentido, juzgan que las analogías entre Tula y Chichén Itzá deben analizarse en un

contexto mucho más amplio, que rebase los límites espaciales y temporales del caso específico y proponen que la relación entre ambos centros es el resultado de un proceso histórico del que parecen existir evidencias en buena parte de Mesoamérica desde el Clásico Tardío y durante todo el Posclásico (López Austin y López Luján, 1999:30-33). Hacen también una reflexión sobre la manera en que se ha abordado el tema: generalmente las investigaciones arqueológicas han empleado información histórica sin leerla analíticamente; los estudios históricos por su parte, recurren a investigaciones arqueológicas muy específicas para sustentar el análisis.

Las fuentes escritas de muy diversas regiones aluden continuamente a migraciones, asentamientos y conquistas de grupos extraños; también hay en ellas coincidencias de personajes y símbolos religiosos y de pasajes míticos. Por su parte, la arqueología indica similitudes en aspectos como el patrón de asentamiento, los estilos arquitectónicos, la temática iconográfica y los objetos suntuarios. Los arqueólogos no han desarrollado técnicas suficientemente complejas para detectar los muy diferentes flujos de hombres e ideas que existieron en Mesoamérica. La existencia y la naturaleza de estos flujos no necesariamente se descubren en las huellas de oscilaciones demográficas ni en la presencia de rasgos culturales exógenos (Arnauld y Michelet, 1991).

Wren y Schmidt (1991), por su parte, al estudiar el arte de Chichén Itzá, encuentran la simultaneidad de dos estilos diferentes que comprueban la coexistencia armónica de grupos de gobierno de etnias diferentes, y concluyen que el estilo *Floreciente Modificado*, más que indicar la existencia de un flujo en cualquier sentido entre Tula y Chichén Itzá, puede ser el producto de élites que propugnan una nueva política multiétnica de mayor integración. Para Lindsay Jones (1995), hubo una evidente intención de reproducir estilos arquitectónicos, escultóricos y pictográficos de origen ajeno, como una búsqueda de prestigio político a partir de una la imagen propagandística de cosmopolitismo.

Otros autores han buscado un radio interpretativo más amplio en el tiempo y en el espacio. Una de las primeras explicaciones que trascendía el caso de Chichén Itzá responsabilizaba a un solo pueblo de los procesos innovadores surgidos en el norte de Yucatán y en los Altos de Guatemala. Fue ésta la posición de Thompson, quien identificó a este pueblo con los putunes o chontales de la costa de Tabasco y Campeche (Thompson, 1970:10-47).

Conforme a estos antecedentes, López Austin y López Luján consideran que el fenómeno de la influencia tolteca en Chichén Itzá es de naturaleza política, tomando en cuenta que en el mundo mesoamericano la religión es “el cuerpo de la acción política” (1999:37) y abordan la entronización de un nuevo paradigma político, religioso y social cuyo núcleo ideológico es la dualidad Tollan-Quetzalcóatl. Este fenómeno abarca tiempos y escenarios tan diversos como el altiplano mexicano (Cuenca de México, Tula y Cholula), Michoacán con la expansión tarasca, Oaxaca y las contiendas entre señoríos mixtecos, el norte de Yucatán con Chichén como centro rector y los Altos de Guatemala con la expansión de los quichés, los cakchiqueles y los rabinales.

Arnauld y Michelet también atribuyen una misma causa a procesos sucedidos en distintas regiones de Mesoamerica. Demuestran que en los relatos indígenas de las migraciones tarasca y quiche existe un trasfondo de innovación sociopolítica radical que no debe explicarse necesariamente con invasiones (Arnauld y Michelet, 1991). Por supuesto, la nueva interpretación religiosa no contó con una aceptación universal: el hecho histórico estudiado evidencia los enfrentamientos entre quienes pretendían mantener las antiguas formas de organización sociopolítica y quienes buscaban un cambio tajante. Como en diversos movimientos políticos mesoamericanos, los innovadores apoyaron su concepción de dominio y control en un complejo mitológico y ritual derivado de tradiciones religiosas milenarias, sólo que bajo una interpretación novedosa que cumplía funciones políticas en su momento. A este nuevo sistema político difundido por toda Mesoamérica y que marca el tránsito del Clásico al Epiclásico, López Austin y López Luján le denominan zuyuano. En este sistema es esencialmente multiétnico y si bien la acción bélica es importante, trasciende el esquema tradicional en donde hay un “pueblo invasor” y una “ciudad invadida” por un novedoso modelo en donde la entronización del nuevo paradigma posibilita el contacto ideológico y comercial de diversas regiones (López Austin y López Luján, 1999:35-47).

Tenemos entonces a Chichén Itzá como la ciudad más importante del norte del área maya, donde convergen las rutas de intercambio de la costa con los pueblos de tierra adentro y que también fue el escenario principal de este proceso de cambio en el paradigma mesoamericano. Si bien el flujo de las ideas no necesariamente implica el

desplazamiento de grandes grupos poblacionales, sí contribuye al estrechamiento de lazos entre las regiones que comparten ese mismo sistema.

Como han dicho establecido gran parte de los mesoamericanistas, el núcleo fundamental del sistema de creencias y organización política de esta región sufrió transformaciones “novedosas” en cada uno de los grandes y periodos. Desde otra perspectiva, se ha dicho que el contacto entre los pueblos mesoamericanos siempre fue estrecho, de modo que la variabilidad poblacional es mínima, siendo notoria entre los pueblos aridoamericanos y los mesoamericanos más que entre estos últimos. Nosotros proponemos que la aparente similitud biológica entre los grupos del altiplano central con los del área maya, debida a la poca variabilidad haplotípica mitocondrial observada en la muestra, está fuertemente definida por el efecto fundacional americano: pocos linajes mitocondriales asiáticos llegaron a nuestro continente en el paleoindio y conforme siguieron su paso hacia el sur, se produjo un cuello de botella en el actual territorio mexicano (Schurr, 2004). Sin embargo, consideramos que la persistencia de esta cercanía biológica a lo largo del tiempo hasta la época de contacto, estuvo influida por la continuidad de las relaciones culturales en la época prehispánica, por lo que no consideramos plausible observar en los linajes maternos de Chichén Itzá, huellas de alguna abrupta invasión de un grupo que rápidamente haya cooptado a la población local. Más aún, recordemos que para Thompson, las relaciones entre mayas y toltecas se dieron entre élites, quienes probablemente sí hayan establecido vínculos matrimoniales, sin que esto haya significado un cambio drástico en la composición poblacional de la zona, pues más allá de Chichén Itzá, en otros asentamientos del norte yucateco no se observan influencias estilísticas de origen tolteca (Thompson, 1990:137-169).

La distinción de los linajes mitocondriales mayas del resto de la región está documentada (González-Sobrino *et al*, 2016), de modo que el análisis de las regiones hipervariables del ADNmt nos podrá esclarecer los resultados que estamos obteniendo en el presente estudio.

En este sentido, para nosotros el caso de Chichén Itzá constituye el escenario ideal para construir un modelo analítico donde se considere información genética, arqueológica e histórica en la reconstrucción de un fenómeno de gran calado geográfico y temporal, pues consideramos los datos puntuales observados en la ciudad respecto a la incursión

de la influencia estilística tolteca constituyen el escenario del debate académico, si bien la interpretación del proceso social que estaba ocurriendo en ese momento no puede explicarse suficientemente con el modelo de invasiones. Más aún, la dimensión de la historia biológica invita a referir la relación Tula-Chichén como el resultado de una estrecha interacción de largo aliento entre los grupos mesoamericanos.

## 2. Marco teórico

En la actualidad, los aportes significativos de los estudios interdisciplinarios en antropología surgen de una metodología enmarcada en una compleja urdimbre de teorías -algunas veces disímbolas-, las cuales van adquiriendo presencia en el modo en que se estudia un fenómeno. Se requiere entonces un conocimiento más profundo de la óptica con la cual cada teoría fragmenta una realidad única, siendo apremiante resolver las inconsistencias y contraposiciones que surgen en el espacio de intercambio teórico dentro del cual se sustenta la investigación. Parafraseando a Edgar Morin, es preciso instigar a la solución de los nudos gordianos en antropología, dado que se estrecha cada vez más la relación epistémica entre el ser humano como entidad biológica y como entidad cultural. Para Morin (1978), la antropología se va complejizando al romper con la visión simplista del ser humano. Plantea entonces un campo de estudio propiamente antropológico con base en las interacciones entre cuatro polos sistémicos complementarios, competitivos y antagónicos:

- El sistema genético (genotipo)
- El cerebro (epicentro fenotípico)
- El sistema sociocultural
- El ecosistema

Los estudios sobre genética de poblaciones cuya materia de trabajo es el ADN humano antiguo, constituyen uno de los campos de la investigación donde este fenómeno epistémico es claramente ostensible. En él suelen converger la arqueología, la historia, la antropología cultural, la genética, la biología molecular y la antropología física. Todas estas teorías son indispensables para un óptimo desarrollo de la investigación.

Por otra parte, la diversidad biológica de las poblaciones humanas obedece a una historia evolutiva de gran escala donde inciden factores ambientales, orgánicos y culturales. Más aún, dado que la evolución genética se desarrolla en periodos de tiempo que pueden abarcar miles de años, únicamente fenómenos drásticos -como por ejemplo la llegada de poblaciones europeas a nuestro continente en el siglo XVI-, son perceptibles en escalas temporales más cortas. Por lo anterior, intentar establecer de manera

diacrónica los cambios genéticos ocurridos en una población prehispánica precolonial, implica la colaboración estrecha entre antropólogos físicos, genetistas y arqueólogos en el marco de los estudios de genética de poblaciones.

Además del marco referencial en antropología genética y en arqueología, es importante incorporar la información sobre las características biológicas del dato que vamos a emplear para hacer un ensayo probabilístico. Los restos óseos antiguos pocas veces permiten la búsqueda de marcadores moleculares suficientes para realizar un estudio de genética. Esos marcadores generalmente corresponden al ADN mitocondrial (ADNmt), pues ésta es una molécula mucho más estable y abundante que el ADN nuclear (ADNn) o el Cromosoma Y (CY), lo que hace más probable su conservación a través del tiempo.

Considerando que la contrastación de estructuras genéticas con información demográfica e histórica, nos permite observar el fenómeno de los desplazamientos humanos en un tiempo y territorio determinados (passim González-Sobrino, 2016), en esta investigación nos propusimos identificar marcadores mitocondriales de algunos de los individuos infantiles emplazados en el *Chultún* de Chichén Itzá para identificar la variabilidad poblacional existente en la zona norte del área maya durante el lapso comprendido entre el Clásico Terminal y principios del Posclásico, de tal manera que pudiéramos plantear algunas hipótesis sobre la relación del altiplano central con el área maya.

### **La arqueología biomolecular**

Con el surgimiento de la corriente teórica denominada “Nueva arqueología” o “Arqueología procesual” -que concibe el material arqueológico como un laboratorio tiempo-espacio en el que podemos contrastar hipótesis sobre procesos culturales-, se abrió la posibilidad de abordar los vestigios como elementos de prueba (Gándara Vázquez, 1982:63,76). En su libro *En busca del pasado*, Lewis Binford (1988) -reconocido como uno de los principales exponentes del procesualismo-, establece que el registro arqueológico es un fenómeno contemporáneo: se compone de restos materiales y distribuciones de materia cuya observación hacemos aquí y ahora. La arqueología interpreta los hechos arqueológicos que observa y luego trata de evaluar hasta qué punto

su imagen del pasado se ajusta a la realidad, por lo que el autor estima la metodología arqueológica tiene más parecido con las de las ciencias naturales, pues en ellas no se espera que los hechos observados “hablen por sí mismos” (Binford, 1988:23-27). Un aspecto relevante para los procesualistas es la noción de variabilidad, es decir, la intelección de los materiales arqueológicos en términos estadísticos (Johnson, 2000:40-62). Este planteamiento acrecentó la relevancia del estudio de los atributos físicos, químicos y orgánicos de los materiales arqueológicos, impulsando el surgimiento de la *arqueometría*, área interdisciplinaria dedicada a la tarea de extraer información sobre la estructura y composición de los materiales antiguos. El interés por una variedad de temas tales como el análisis de patrones de distribución de materiales y los estudios paleoambientales, de modo que el campo de la arqueometría se tornó más amplio.

Desde finales de los años sesenta se conoce la persistencia de péptidos y proteínas en las conchas y los huesos fosilizados y por ende se infería la conservación de ácidos nucleicos, así se han ido incorporando al campo arqueométrico los estudios sobre materiales orgánicos, los cuales a partir de la década de los noventa forman parte de las mesas de debate en los congresos de Arqueometría (Montero Ruiz *et al*, 2007:24-26).

En la década de los años 90, como consecuencia de la entronización de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés) como la principal tecnología empleada en la genética moderna, el interés por el estudio de biomoléculas antiguas se acrecentó notablemente, pues la PCR, posibilitó la obtención de copias mucho más fieles de una secuencia original en un lapso menor (Pääbo, 1989; Brown y Brown, 1992). Desde entonces, numerosas investigaciones han dado cuenta de las posibilidades que ofrece el ADN antiguo, y con ellas ha crecido el interés de los arqueólogos por el estudio de la genética tanto de plantas y animales pretéritos, como del mismo ser humano, constituyéndose un campo de investigación arqueométrica conocido como *arqueología biomolecular* el cual no solamente contempla la investigación de ADN fósil, sino también de las proteínas, lípidos y carbohidratos presentes en los vestigios residuales (Brown y Brown, 2011:3-8).

## La antropología genética

El estudio de la diversidad humana *The History and Geography of Human Genes* (1994), realizado por Cavalli-Sforza y sus colaboradores (1994) fue la primera ocasión en que se planteó a los estudios genéticos como un campo del conocimiento útil en el quehacer antropológico. Este equipo se propuso desarrollar una geografía de los genes humanos que les permitiera identificar antiguas migraciones humanas a través de la dispersión de la variabilidad de nuestra especie en el planeta y presentaron árboles genéticos y mapas de dispersión geográfica que permiten observar la evolución de determinados genes a través del tiempo.

Conforme avanzaba el trabajo de sistematización del enorme banco de datos con el que trabajaron, fue evidenciándose la necesidad de analizar la misma información genética desde otras disciplinas, para así poder llegar a conclusiones de interés histórico:

Pese a que la tarea de reconstruir la historia de la evolución humana puede ser enteramente satisfactoria usando únicamente la evidencia provista por el dato genético, la información de fuentes históricas, lingüísticas y antropológicas es también indispensable y puede ser comparada con la evidencia genética si queremos alcanzar un resultado satisfactorio (Cavalli-Sforza *et al*, 1994: xi).

La información genética fue contrastada con la información arqueológica, paleoantropológica y disponible. El equipo de genetistas juzgó relevante incorporar discusiones breves sobre ecología, arqueología, historia, lingüística y paleoantropología.

Un poco después de los estudios presentados por Cavalli-Sforza, el estudio de los marcadores del ADNmt tomó relevancia en los estudios sobre evolución y genética de poblaciones, pues debido a sus características, es factible su recuperación del registro fósil (Krings *et al*, 1997). Además, la acumulación de mutaciones en el ADNmt es mucho más rápida que en el ADN nuclear y es heredado únicamente por vía materna a la siguiente generación lo que permite identificar ancestrías haploides, de gran utilidad en la construcción de árboles filogenéticos cuyo cometido es expresar los términos de la historia evolutiva de nuestra especie (Cann *et al*, 1987:31).

Ahora bien, identificar poblaciones biológicas a partir de la variación existente en sitios específicos, implica conocer cómo es el mecanismo de fijación de los cambios. El ADN está sujeto a los mecanismos evolutivos: la mutación, la selección, la deriva génica y el flujo génico, son procesos estocásticos que pueden alterar la composición genética de una población y por ende, generar variabilidad. Esta es la materia de estudio de la *genética de poblaciones*, disciplina biológica que suministra los principios teóricos de la evolución y que parte de considerar que los cambios microevolutivos -los que se dan en el seno de las poblaciones de las especies-, contienen todos los ingredientes necesarios para explicar toda la evolución, pues la macroevolución -especiación-, no sería más que la extrapolación en el espacio y en el tiempo de los procesos básicos que se dan en las poblaciones.

Casi todas las especies comprenden una o más poblaciones de individuos que se cruzan entre sí, formando una comunidad de intercambio genético denominada *población mendeliana*. Esta población es el sustrato básico donde se forja la evolución. En el seno de la población se da el hecho inevitable de que algunos individuos dejan más descendientes que otros. Como que el único componente que se transmite de generación en generación es el material genético (los genes), el que un individuo deje más descendientes implica que sus variantes génicas (alelos) estarán más representadas en la siguiente generación. De este modo, las frecuencias de los distintos alelos cambiarán de una generación a otra, y este cambio será irreversible (será *fijado*) cuando se considera el conjunto de los genes de la población, pues es muy improbable que se vuelva a una configuración previa en todas las variantes génicas ¿Qué procesos hacen que unos alelos cambien en frecuencia de generación en generación? Los agentes que cambian las frecuencias alélicas (o génicas) de las poblaciones, o sea los factores de evolución, son la mutación, la deriva genética, la migración y la selección natural (Barbadilla, 1999).

La mutación es la fuente original de cualquier variación genética. Una mutación es un cambio estable y heredable en el material genético: altera la secuencia del ADN y por tanto, las mutaciones son las que introducen nuevas variantes. Sin embargo, la mutación no es suficiente para generar cambios evolutivos: muchas suelen ser eliminadas; ocasionalmente algunas de estas variantes pueden tener éxito e incorporarse en todos

los individuos de la especie. De hecho, a través de la teoría neutral de la evolución se pudo observar que la mayoría de las mutaciones no tienen una función adaptativa. En 1968 Moo Kimura y su equipo reportaron una gran variabilidad que no podía ser justificada del todo por efectos de la selección natural y estipularon que la mayor parte de la variación a nivel molecular ocurre de manera aleatoria y no tiene importancia adaptativa (Kimura, 1968). Ello abrió la posibilidad para los estudios microevolutivos permitiendo la caracterización de diferentes linajes al interior de una misma especie (Castillo Cobián, 2007:11-14). A través de este esquema teórico, se definió que el significado evolutivo más importante de la mutación es la introducción de nuevos alelos, por lo que la variabilidad no tiene una intención y se da al azar.

La deriva genética es un mecanismo evolutivo que actúa cambiando aleatoriamente las frecuencias alélicas de una generación a otra. En cada generación se produce un sorteo de genes durante la transmisión de gametos de los padres a los hijos que se conoce como *deriva genética*. La mayoría de los organismos son diploides, es decir, tienen dos ejemplares de cada gen. Los gametos de estos organismos portan sólo uno de los dos ejemplares (alelos) de cada gen. El que un gameto lleve un alelo u otro es una cuestión de azar, por lo que la formación de gametos y su consiguiente unión para formar los huevos de la siguiente generación sólo puede describirse como un proceso probabilístico. Según este razonamiento, cada generación esperamos una fluctuación al azar de las frecuencias alélicas en las poblaciones. Si en algún momento un tipo de los alelos no llega a transmitirse a la siguiente generación, entonces este alelo se habrá perdido para siempre. Cuando el tamaño de la población se reduce en una generación, se produce un fenómeno llamado *cuello de botella*. Es decir, si en una población de 100 individuos 90 son homocigotos (AA) y 10 heterocigotos (Aa) y sobreviene una catástrofe que azarosamente disponga de los 90 homocigotos, en la siguiente generación sufrirán modificaciones las frecuencias del alelo A y del alelo a, respecto de la generación anterior. Esto significa que el resultado de la deriva –y especialmente de los cuellos de botella-, suele ser la pérdida de variabilidad genética (Barbadilla, 1999).

Ahora bien, el ADNmt es una molécula haploide ¿Cómo actúa aquí la deriva? En este caso, lo que observamos no es la frecuencia de un alelo dominante (A) o recesivo (a) en

un *locus* determinado, sino las frecuencias de los haplogrupos en una población. Esto es de vital importancia en el estudio de los desplazamientos poblacionales humanos, pues al no haber recombinación, podemos estudiar diacrónicamente las fluctuaciones en la frecuencia de los haplogrupos en una o varias poblaciones.

La deriva génica tiene su contraparte: el flujo genético, que no es otra cosa sino la movilidad del material genético de una población a otra. Sin flujo genético, las poblaciones se aíslan de tal suerte que a largo plazo ocurre la especiación. Si dos poblaciones difieren en las frecuencias de los alelos de sus genes, entonces el intercambio de individuos entre las poblaciones producirá un cambio de las frecuencias de los genes en cada una de las poblaciones. Esto significa que las poblaciones que han entrado en contacto, eventualmente alcanzarán una homogeneidad en la distribución de sus frecuencias; a esto se le conoce como *Equilibrio Hardy-Weinberg* y su estudio nos permite observar el grado de similitud existente entre dos poblaciones. Por otra parte, es oportuno hacer mención que en genética, migración no es lo mismo que flujo, pues para que se considere una migración, debe ocurrir la fijación del cambio alélico en al menos el 1% de la nueva población (Pierce, 2012:679-706).

Por último, la *selección natural* es reproducción diferencial de unas variantes genéticas respecto de otras. Podemos definirla más rigurosamente como el proceso que resulta del cumplimiento de las tres condiciones: variación fenotípica entre los individuos de una población; supervivencia o reproducción diferencial asociada a la variación, y herencia de la variación. Si en una población de organismos se dan estas tres condiciones, entonces se sigue necesariamente un cambio en la composición genética de la población por selección natural.

En la historia biológica humana, estos mecanismos están a su vez influenciados por la actividad cultural. Por ejemplo, el flujo genético está en función de los sistemas de parentesco e intercambio matrimonial y puede estar motivado por los desplazamientos de grupos humanos debidos al comercio, la conquista o los cambios medioambientales. La deriva génica puede ser instigada por epidemias, guerras y desastres naturales (v. Lucchetti, 2005; Moral, 2005; Varela *et al*, 2005).

Consideramos un estudio de genética de poblaciones como una herramienta en el entendimiento de la historia de los grupos asentados en el sureste mexicano y es de nuestro interés el hacerlo investigando las ancestrías matrilineales en material prehispánico. El presente estudio aporta las frecuencias genéticas de haplogrupos mitocondriales de muestras representativas de una colección osteológica de Chichén Itzá fechada para Clásico Terminal. Dichas frecuencias son un aporte significativo en antropología genética pues como vimos en el capítulo anterior, la estructura de sus frecuencias haplotípicas es representativa. La estructura de estas frecuencias genéticas se contrasta con las información geográfica, ecológica, arqueológica e histórica de la región para explicar la evolución de la variabilidad observada en la región.

### **Conceptos bioestadísticos para el análisis de la variabilidad poblacional**

En este sentido, la caracterización de los diferentes grupos poblacionales se hace a través del estudio de los polimorfismos presentes en regiones determinadas de una molécula haploide, es decir, que no esté sujeta a recombinación: Tal es el caso del ADN mitocondrial.

La diversidad polimórfica debe estudiarse en un grupo de organismos donde se asume que gran parte de las mutaciones presentes en un gen son neutras, pues es en este tipo de poblaciones donde la tasa de evolución está directamente relacionada a la tasa de mutación. En otras palabras, los polimorfismos diagnósticos de cada haplogrupo mitocondrial humano indican una población biológica específica, permitiéndonos estudiar la diversidad poblacional tanto en términos evolutivos como en términos de discriminación de grupos poblacionales, objetivo principal de nuestro estudio. Más importante aún es considerar que los linajes se dividen pero no se reagrupan, es decir, se representan como árboles, no como redes. Por eso los dendrogramas son ideales cuando queremos ver relaciones de ancestría.

La caracterización de los diferentes grupos poblacionales que componen una especie, se hace a través del estudio de los polimorfismos presentes en regiones determinadas de una molécula haploide, es decir, que no esté sujeta a recombinación. Tal es el caso del ADN mitocondrial y del cromosoma Y. Los estudios sobre filogenética de poblaciones humanas se han hecho principalmente analizando el ADNmt, pues a través de éste se

puede estudiar la ancestría matrilineal de ambos sexos, no así el cromosoma Y, que al ser exclusivo de los varones, únicamente permite estudiar la ancestría patrilineal de individuos masculinos.

La estructura de las poblaciones consiste en dos partes distintas pero interrelacionadas: la estructura demográfica y la estructura genética. La estructura demográfica está determinada por todos los procesos asociados al nacimiento, muerte y dispersión, incluyendo el sistema de apareamiento y la historia de vida. La estructura genética está determinada por la estructura de la población, por supuesto, pero también por mecanismos evolutivos como la selección, la recombinación y la mutación.

Wright, pionero de la teoría de la genética de poblaciones, se interesó en la estructura poblacional y su rol en la evolución. Su trabajo teórico puede ser considerado una demostración de cómo la estructura demográfica de una población determina su estructura genética. Él se percató de la tremenda diversidad de estructuras demográficas que puede tener una especie e intentó reducir esa complejidad a unas pocas cantidades simples que bastaran para predecir los rasgos más importantes de la estructura genética y trabajó en demostrar cómo el efecto de cualquier patrón del linaje en la correlación del estado genético de un *locus* puede ser resumido por un único valor: *el coeficiente de endogamia*, el cual puede ser determinado mediante el trazado de caminos en el linaje de una genealogía. El análisis de Wright acerca de las poblaciones geográficamente subdivididas tenía el mismo objetivo y mostró que en muchos casos el efecto de una dispersión restringida podía ser descrita por un sólo valor.

La estructura genética de una especie está relacionada con la distribución de la diversidad entre y dentro de las poblaciones. Cuando una población se divide en subpoblaciones, éstas presentan frecuencias particulares que las diferencian respecto a las demás; es decir, hay menos heterocigocidad de la esperada en la población general. Así es como se definen los índices de fijación o *estadístico F* que también puede ser pensado como una medida de la correlación entre genes muestreados, en diferentes niveles de una población subdividida jerárquicamente (Slatkin, 1994).

A través del análisis de las distancias de *Filiación total en subpoblación* ( $F_{ST}$ ) -es decir, observando la variabilidad presente al interior de cada una de esas poblacionales-, es como se establecen las distancias genéticas existentes entre las poblaciones. Con esta

información se elaboran los modelos bioestadísticos que nos permiten apoyar o descartar una hipótesis.

## 2.1. El ADN mitocondrial. Su importancia en los estudios de variabilidad poblacional

El ADN mitocondrial tiene una estructura circular y está directamente involucrado en la regulación del metabolismo. Pero ¿por qué dos genomas? Las mitocondrias se desarrollan y funcionan con total independencia del resto de los componentes celulares. Su particular comportamiento llevó en la década de los años 70 a proponer su origen en la simbiosis establecida entre la célula eucariota y una primitiva bacteria parásita. Dicha simbiosis con el tiempo redundó en la incorporación de la bacteria como orgánulo celular (Margulis, 1971). Sin embargo, la información genética de la mitocondria se mantuvo separada, por ese motivo el ADNmt es una molécula haploide de *segregación matrilineal en bloque*. Es decir, lo hereda la madre a sus hijos e hijas sin que haya recombinación con la información genética del padre, pues las mitocondrias del espermatozoide se ubican en el flagelo, el cual se pierde al momento de la fecundación (Ingman y Gyllensten, 2001:454)

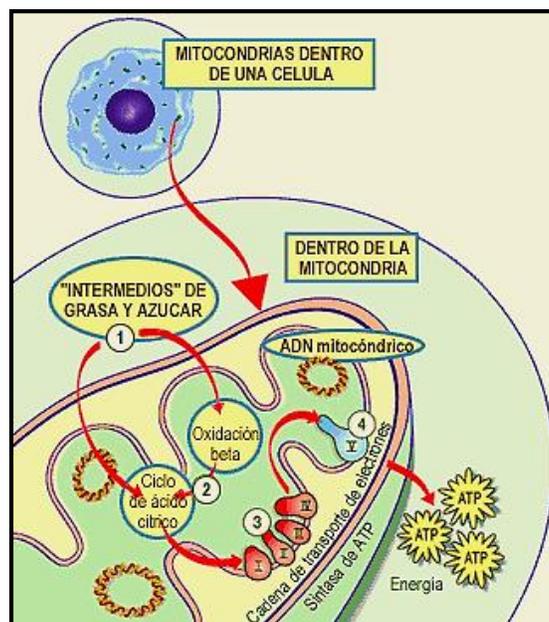


Figura 5. El ADN mitocondrial. Arreglo genómico específico ubicado en cada una de las mitocondrias (Tomado de Merchant Larios, 2005).

La falta de recombinación permite que los métodos de análisis filogenético ordenen las secuencias con mutaciones acumuladas en un orden más o menos cronológico, dando como resultado una menor ambigüedad estadística en la reconstrucción de la historia biológica de los linajes maternos (Schurr, 2000:47). Esto facilita la identificación de diferencias genéticas generacionales entre poblaciones, resultando de gran utilidad en estudios sobre variabilidad poblacional y migraciones, aspectos importantes en los estudios de antropología genética.

Más aún, la molécula de ADNmt humana es pequeña y fue secuenciada en su totalidad en 1981. Con ello se descubrió que está compuesta en un 41% por guanina y citosina [G≡C], y se estableció que su longitud es de 16,569<sup>5</sup> pares de bases (pb), de los cuales el 90% *codifican*<sup>6</sup> para 13 proteínas, 2 ácidos ribonucleicos ribosomales (ARNr) y 22 de transferencia (ARNT). El resto del genoma es *no codificante* (Anderson y Bankier, 1981).

Las regiones *codificantes* se dividen en dos tipos: las *regiones conservadas*, donde reside información importante para el funcionamiento de una proteína (por lo que es poco probable que varíen a través del tiempo) y las *regiones no conservadas*, donde aparecen mutaciones que no afectan al desempeño del organismo. En lo relativo a genética de poblaciones, el contar con la secuencia total de esta pequeña molécula permitió la identificación de rasgos genéticos divergentes en sitios específicos de la secuencia en relativamente poco tiempo.

Por otra parte, la principal región no codificante es la *Región Control* o *D-loop*<sup>7</sup> de aproximadamente 1,100 pb de longitud la cual contiene elementos reguladores de la replicación y transcripción del genoma. Los flancos de esta región presentan una alta tasa de variabilidad<sup>8</sup> (Pakendorf y Stoneking, 2005:168)–y se denominan *Región Hipervariable 1* (HVS1; posiciones 16024-16383) y *Región Hipervariable 2* (HVS2; posiciones 073-340). Hay una tercera región (HVS3 de 438 a 574) aunque se emplea poco para estos estudios.

---

<sup>5</sup> Según la *secuencia de Cambridge*.

<sup>6</sup> En genética, *codificante* se refiere a aquellas regiones del ADN que funcionan como “instructivos de construcción” de proteínas y otros compuestos orgánicos más complejos.

<sup>7</sup> Abreviatura del inglés *Displacement loop*.

<sup>8</sup> El ADNmt muta entre 5 y 10 veces más rápido que el ADN nuclear; los flancos de la D-loop tienen una tasa ligeramente mayor.

Cuando una región del genoma presenta un cambio, se le llama *región polimórfica*, y si dicha mutación se fija en por lo menos el 1% de la población, adquiere el carácter de *polimorfismo*. De estos existen las *transiciones* –cuando el cambio es entre bases nitrogenadas del mismo tipo-, que suelen ser los más frecuentes; *transversiones* –cuya frecuencia es menor, por lo que un cambio así es indicativo de un prolongado proceso de evolución llevado a cabo durante millones de años-; las *deleciones*; y las *repeticiones de longitud* (STRs) –cuando una secuencia corta se repite en un segmento-.

Dentro del marco de los estudios sobre evolución humana y movimientos poblacionales, el análisis de polimorfismos del ADNmt es relevante, pues al pasar íntegramente de la madre a los hijos, se facilita la identificación de divergencias genéticas generacionales e intergrupales. Cuando estos polimorfismos son presentados por varios individuos, se convierten en referente o marcador poblacional. En consecuencia, aquellos individuos que comparten una mutación surgida en una mujer ancestro común, forman un conjunto conocido como *haplogrupo*, mismo que es identificable por el *marcador del haplogrupo*, que como hemos visto en el capítulo anterior, puede ser identificado a través de la restricción del fragmento que le contiene. Ahora bien, al interior del haplogrupo también existe variabilidad. Esto es, subpoblaciones que comparten el marcador del haplogrupo pero tienen otros polimorfismos que les identifican en lo particular (Wallace, 1995; Sigurðardóttir *et al*, 2000:1607-1609).

## **2.2. La variabilidad poblacional en América a través de los estudios de ADN mitocondrial**

La gran mayoría de los equipos de investigación en genética humana americana han identificado con certeza cuatro haplogrupos mitocondriales asiáticos como los linajes maternos fundadores de las poblaciones americanas, aunque aún se discute sobre la existencia de un quinto, el cual es una mutación más temprana. La variabilidad al interior de los grandes linajes mitocondriales es enorme, por lo que los estudios de genética de poblaciones en la región, nos permiten identificar desplazamientos poblacionales y por ende, reconstruir la historia biológica de los grupos humanos americanos (Achilli *et al*, 2008).

La identificación de los polimorfismos diagnósticos de estos linajes fundadores constituye uno de los principales factores de discriminación poblacional en el caso de trabajos realizados con muestras antiguas mesoamericanas. Uno de los equipos pioneros fue el encabezado por Antonio Torroni, quien buscó esclarecer la relación entre haplogrupos mitocondriales asiáticos y americanos, para así definir asertivamente las ancestrías fundacionales de las poblaciones americanas. Para ello sometieron a restricción con 14 diferentes endonucleasas, tanto ADNmt asiático como americano.

En el grupo asiático, constituido por 153 muestras, el análisis de RFLPs arrojó 106 haplotipos relacionados con 191 sitios de restricción (Torroni *et al*, 1992). En el caso de las 167 muestras americanas, se pudo observar una variabilidad mucho menor, pues sólo se presentaron 68 sitios polimórficos que permitieron definir claramente 50 haplotipos.

De esta manera, el equipo de Torroni optó por determinar las relaciones evolutivas entre los haplotipos asiáticos y americanos a partir del establecimiento de un marcador común, Así, el siguiente paso consistió en definir bioestadísticamente los linajes ancestrales americanos con base en los siguientes criterios.

- Están representados en todas las poblaciones americanas y en los tres grupos lingüísticos.
- Filogenéticamente aparecen como raíz de su haplogrupo, dado que todos los nuevos haplotipos descienden de ellos
- Están presentes en Asia del Este y Siberia, lugares de los que se presume, salieron los grupos que poblaron América.

Al realizar el análisis con estos criterios, su universo se distribuyó en cuatro grandes haplogrupos o linajes, a los que denominaron A, B, C y D. Cada linaje presenta un polimorfismo característico.

- El linaje A está definido por una transición de A por G en el nucleótido 663 de la secuencia de referencia del ADNmt (Anderson y Bankier, 1981), lo cual produce un sitio de reconocimiento o "corte" para la enzima de restricción HaeIII. A esto se le denomina *ganancia del sitio de restricción*.

- El linaje B está caracterizado por una supresión<sup>9</sup> de 9 pares de bases (pb) entre los nucleótidos 8,271 y 8,281. Además, los grupos pertenecientes a este linaje cuya filiación lingüística es amerindia, presentan ganancia de un sitio de restricción en la posición 16,517 identificable a través del corte por la enzima HaeIII.
- El linaje C está definido por una transición de A por G en el nucleótido 13,259. Este polimorfismo es identificable por la ganancia del sitio de restricción de la enzima Hinc II.
- El linaje D está definido por la transversión de C por A en el nucleótido 5,176; cuando este cambio está presente, la enzima *Hinc II* no secciona la secuencia de ADN. A esto se le llama *pérdida del sitio de restricción*, y es identificado por la enzima Alu I (Torroni *et al*, 1993:578).

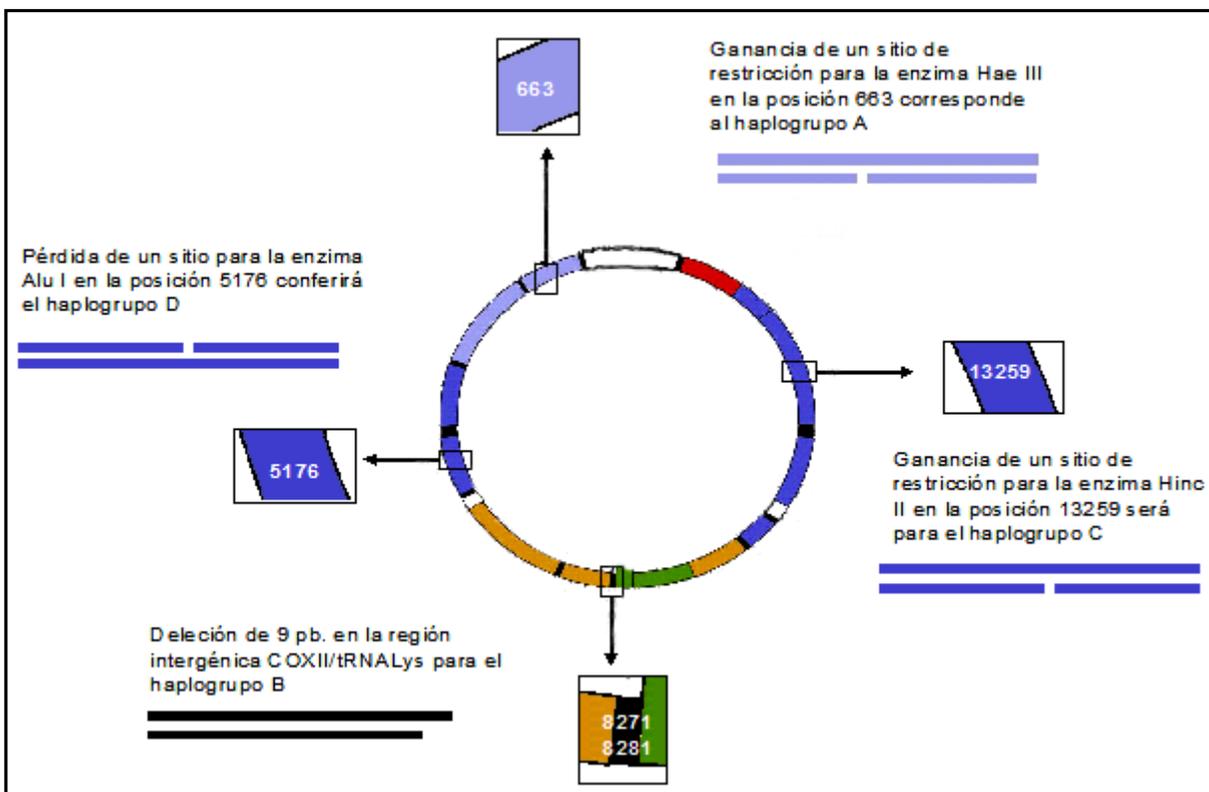


Figura 6. Localización de los polimorfismos diagnósticos de los haplogrupos americanos. En México existe una predominancia del haplogrupo A, seguido del B. Los haplogrupos C y D son poco frecuentes.

<sup>9</sup> En el argot de los genetistas, se emplea el neologismo «delección» (derivado del inglés *deletion*) para referirse al faltante de nucleótidos en una secuencia con respecto de la referente. En el presente trabajo emplearemos el vocablo equivalente en español.

A partir de la publicación del trabajo de Torroni, los polimorfismos diagnósticos de los cuatro grandes haplogrupos mitocondriales son utilizados frecuentemente en el reconocimiento de poblaciones americanas, tanto contemporáneas como precolombinas (Horai *et al*, 1993; Merriwether y Ferrell, 1996; Stone y Stoneking, 1998).

En forma paralela, al surgir el interés por esclarecer las características de las poblaciones que migraron desde Asia y el número de eventos en que se desplazaron por Bering, se fue gestando un debate donde se hizo necesario definir subhaplogrupos o *haplotipos* a partir del análisis de las Regiones Hipervariables del ADNmt pues, como hemos señalado, en ellas está presente una mayor variabilidad genética. Este debate tiene como punto de partida las conclusiones de Torroni, pues para él son cuatro los movimientos migratorios, dado que advierte homogeneidad lingüística en los haplotipos mitocondriales (Torroni *et al*, 1993). Por el contrario, para los equipos encabezados por Andrew Merriwether (1995) y Satoshi Horai (1993), los cuatro linajes fundadores fueron divergiendo conforme avanzaban por el estrecho de Bering, pues observaron una amplia variedad haplotípica y un tiempo relativamente corto de divergencia.

La distribución de los haplogrupos en el continente muestra, en términos generales, que el haplogrupo A tiende a focalizarse en América Septentrional, mientras que el haplogrupo B lo hace en el Cono Sur. Los linajes C y D se distribuyen irregularmente en el continente, aunque D es mucho más frecuente en el sur. Uno de los trabajos más completos llevados a cabo en este afán es el de Lorenz y Smith (1996), quienes se propusieron identificar la filiación haplotípica de 497 individuos pertenecientes a más de 40 etnias norteamericanas siguiendo una metodología estadística en la que los criterios antropológicos y genéticos se entrecruzaban con vectores taxonómicos lingüísticos, geográficos y biológicos. Como resultado observaron en su universo una temprana diferenciación biológica que se va dando en forma paralela a una diferenciación lingüística. Más aún, al contrastar procedencia geográfica con filiación lingüística, se puede advertir el flujo génico en una región determinada. Por ejemplo, observan que los californios yutoaztecanos se aglutinan con los pima del Suroeste norteamericano en el Grupo IV (haplogrupos B y C) de la clasificación propuesta por ellos. Asimismo, los nahua, cuya lengua es yutoazteca, junto con los zapotecos y mixtecos (lenguas otomangue)

guardan estrecha proximidad genética con otros grupos mexicanos del Grupo II, constituido por los haplogrupos A y B.

Por otra parte señalan que, si bien entre las etnias clasificadas lingüísticamente como peteneras –mayas y mixes- no hay relación genética, los ADN mitocondriales yutoaztecanos (pimas) y otomangues (zapotecos y mixtecos) –grupos lingüísticos provenientes de ramas diferentes-, sí están relacionados. Según estos resultados, tanto un aislamiento poblacional temprano como los efectos fundacionales condujeron a la divergencia de los reservorios génicos poblacionales en diferentes regiones.

Así, Lorenz y Smith aseveran que en Norteamérica, el haplogrupo A es el más común (40%) y el haplogrupo D el menos común (7%), llegando de este modo a la conclusión de que los cuatro haplogrupos están presentes en toda América, aunque las frecuencias de distribución difieren entre Norte y Sudamérica. En consecuencia asumen que en Centroamérica debe haber una restricción en el flujo génico.

Por último, dado que se desarrolla un mayor poder de discriminación del modelo planteado, los autores proponen que a los estudios filogenéticos moleculares deberán incorporarse los enfoques lingüístico, geográfico y arqueológico.

Muchos grupos de investigación se sumaron a la novedosa propuesta de Lorenz y Smith, de modo que a la fecha, se tiene un panorama general bien definido de las poblaciones nativas americanas, el cual es glosado por Theodore Schurr (2004) de la siguiente manera:

- En el grupo lingüístico amerindio, la frecuencia de haplogrupos A disminuye de norte a sur, mientras que los haplogrupos C y D aumentan su frecuencia en la misma dirección.
- El haplogrupo B no presenta la misma distribución, e incluso está ausente en norteamérica septentrional; a pesar de que aparece en alta frecuencia en el suroeste estadounidense y la región andina.
- Se asume que este patrón de distribución quizá refleje el patrón de asentamiento primigenio americano. Sin embargo, todos los equipos de investigación han encontrado los cuatro haplogrupos distribuidos en todo el continente

Respecto a México, los reportes sobre variabilidad poblacional con marcadores del ADNmt han sido del interés de los investigadores desde hace por lo menos dos décadas. En las primeras investigaciones hechas empleando secuencias de etnias mexicanas, sabemos que la frecuencia de los haplogrupos A y B es mayor que la de C y D, siendo A el más frecuente y D el menos frecuente. Por ejemplo, en un estudio realizado entre los mayas de la península de Yucatán, el 51.85% pertenecen al haplogrupo A, el 22.22% al haplogrupo B, el 14.81% son haplogrupo C y la menor representación la tiene D con 7.4% del total de la muestra (Merriwether *et al*, 1997).

El presente trabajo de investigación toma como referencia principal el proyecto de investigación sobre diversidad poblacional mexicana del Laboratorio de Investigaciones Antropológicas de la UNAM (González-Sobrino, 2016), donde se hace hincapié en la singularidad geográfica del país y los procesos históricos relacionados con los grandes movimientos poblacionales humanos originados en el siglo XVI; como intrínsecamente ligados al cambio de las estructuras genéticas en América y en particular, en nuestro país. De ahí que pese a encontrar poca variabilidad respecto a los haplogrupos representados en una región, es en las frecuencias de dichas estructuras, las cuales han variado a lo largo el tiempo-, donde podemos encontrar elementos para la interpretación de nuestros propios datos.

### 3. La genética de poblaciones en los estudios antropológicos

El estudio de los marcadores del ADNmt tomó relevancia en los estudios sobre evolución y genética de poblaciones, pues debido a sus características, es factible su recuperación del registro fósil, permitiendo incluso rastrear las divergencias presentadas entre las poblaciones actuales y restos de ejemplares neanderthal (Kriings *et al*, 1997). Por otra parte, la acumulación de mutaciones en el ADNmt es mucho más rápida que en el ADN nuclear y debido a que permite identificar ancestrías haploides, es de gran utilidad en la construcción de árboles filogenéticos cuyo cometido es expresar los términos de la historia evolutiva de nuestra especie (Cann *et al*, 1987:31).

En cuanto a la filogenia del ADNmt en humanos, González Sobrino (*passim* 2016) nos dice que el primer análisis que se llevó a cabo a partir de RFLPs la remontó a 180,000 años de antigüedad (Brown, 1980 *apud*; González-Sobrino, 2016:63). La autora también refiere que en 1987 Cann, Stoneking y Wilson utilizaron RFLPs de alta resolución en muestras de África, Asia, Australia, Europa y Nueva Guinea obteniendo un árbol de máxima parsimonia en dos ramas, una refiriéndose al continente africano y la otra al resto. Con ello el origen del ADNmt del planeta quedaba en África, propuesta que fue corroborada por Vigilant y colaboradores en 1991.

La nomenclatura de los haplogrupos mitocondriales denominados con letras mayúsculas de la A hasta la Z sigue un orden según se fueron descubriendo: L corresponde al macro-haplogrupo ancestral africano. Respecto al continente americano, los primeros haplogrupos mitocondriales en reconocerse mediante RFLPs fueron los denominados A, B, C y D (Torroni *et al*, 1993). Posteriormente se comprobó que C y D son derivados del haplogrupo M mientras que A y B lo son de N, siendo M y N macrohaplogrupos que se desprendieron del L3 africano. De la variedad de haplogrupos de ADNmt que hay en el mundo, 21% fue observado en nuestro estudio; resultando el 100% correspondiente a linajes americanos (72.73% A, 18.18% B, 0% C y 9.091% D). Estos resultados son los esperados en un contexto arqueológico sellado; respecto a las frecuencias, éstas se muestran acordes con las de las estructuras genéticas de los mayas contemporáneos. (*apud* González-Sobrino, 2016:62-65)

### **Variabilidad haplotípica en el área maya**

Las frecuencias haplotípicas en el área maya son notoriamente diferentes que en el resto del país. Mientras que en la península de Yucatán son muy altas las frecuencias del haplogrupo A, en el resto del territorio mexicano es evidente cómo se empieza a gestar el cuello de botella que invierte las frecuencias haplotípicas entre norteamérica y el cono sur. En el norte y centro del país hay una amplia representación de los haplogrupos A y B misma que no llega al grado de homogeneidad observable en el área maya. Mientras que en algunas regiones del suroeste del país es notoria la presencia de los haplogrupos C y D, abriéndose paso una ruta hacia centroamérica la cual no incide en un cambio de frecuencias en sus colindancias con el área maya. Por ejemplo, en un estudio realizado entre los mayas de la península de Yucatán, el 51.85% pertenecen al haplogrupo A, el 22.22% al haplogrupo B, el 14.81% son haplogrupo C y la menor representación la tiene D con 7.4% del total de la muestra. (Merriwether *et al*, 1997).

Respecto a las poblaciones antiguas, las frecuencias se comportan de modo similar: en el caso de 25 individuos muestreados en el sitio de Xcaret, 84% son haplogrupo A, 4% haplogrupo B, 8.% corresponden al haplogrupo C y se presume que 4% al haplogrupo X (González-Oliver *et al*, 2001). En el análisis de restos que se hizo con muestras de Bonampak, el total de la muestra correspondió al haplogrupo A (López Armenta, 2007:90). Por su parte, González Sobrino reporta que del total de la variabilidad mitocondrial humana, el 65% está representado en México, donde el 97% de la variabilidad está compuesta por linajes indígenas: el haplogrupo A está presente en más del 50% de la población. En el sur del país los haplogrupos A y D son más frecuentes que B y C, mucho más frecuentes en el norte. Específicamente en Yucatán, el haplogrupo A conforma entre el 95 y el 100%. Al compararlo con las estructuras de otros grupos indígenas, concluye que en el área maya están presentes los linajes más antiguos del haplogrupo A. (González-Sobrino, 2016:65, 88 y 148-155).

En los resultados que adelante presentaremos, las frecuencias se sujetan a este esquema: de 11 muestras obtenidas del material osteológico del *Chultún* de Chichén Itzá, 72.72% son haplogrupo A, 18.18% son haplogrupo B y 9.09% son haplogrupo D.

### 3.1. Los materiales y los métodos: la antropología genética en el laboratorio

*Ecofacto* es un término empleado para referir todos los datos no-artefactuales culturalmente relevantes y Binford considera relevante su estudio para definir los puntos de articulación entre el sistema cultural y los sistemas naturales, si bien señala que su estudio implica consideraciones metodológicas específicas que trascienden incluso los problemas asociados con el muestreo de poblaciones artefactuales (Binford, 1964:432-433). Si bien el ADN no es un ecofacto, sí deben tomarse en cuenta estas recomendaciones, pues se trata de información sobre la ancestría biológica de un individuo presente en el registro arqueológico. Por este motivo insistimos en la importancia de conocer la hipótesis arqueológica sobre el registro arqueológico al que pertenece el material analizado, pues ello nos permitirá identificar la representatividad de la muestra para hablar de una población en un tiempo y un espacio específicos.

Importante también es, conocer los sesgos de un estudio de ADNmt presentes de manera ineludible en todo trabajo de esta índole, los cuales no sólo provienen del registro arqueológico, sino que están presentes en la fase de ensayo en laboratorio y en la del análisis *in silico*. En el siguiente apartado haremos un recuento de cada una de las etapas que constituyen el análisis de ADN antiguo, mencionaremos los escenarios donde puede presentarse sesgo y la manera en que procedimos para reducirlo.

#### Condiciones de la muestra

Los esqueletos procedentes de sitios arqueológicos presentan grandes diferencias en el estado de preservación, aún entre aquellos enterramientos que provienen de una misma área de excavación. Tal diversidad tiene un origen multicausal por la compleja interacción que ocurre entre un amplio rango de variables, tanto de los huesos como del ambiente. Los factores que determinan la preservación son de índole física, química y biológica: pueden ser tanto extrínsecos como intrínsecos al esqueleto y actuar de manera dependiente o independiente de otros. El equipo de Valéry Zeitoun (1996) plantea que la conservación diferencial de los esqueletos está condicionada por el rol que juegan los agentes naturales en la desintegración y desaparición de los vestigios. Así, juzgan primordial considerar dichos agentes en la evaluación de las posibilidades de explotación

arqueométrica de un material (*ibid*, 291). En los procesos diagenéticos es mayor la incidencia del factor ambiental que del cronológico. Es decir, las condiciones microambientales de la matriz continente son más determinantes en la conservación del hueso que el tiempo de enterramiento. Aún más, el grado de afectación depende del tipo de tejido óseo, sea éste esmalte, hueso cortical o tejido esponjoso. Por otra parte, Isabelle B. Colson y su equipo (1997), evaluaron la incidencia de los efectos de la diagénesis en la formación de túneles generados por la acción microbiana o fúngica en la estructura histológica del hueso y encontraron que la aparición de éstos no está relacionada al tiempo de enterramiento, sino al medio en el que los huesos estuvieron contenidos, por lo tanto, califican a la histología como el mejor indicador de la preservación de ADN antiguo. Es decir, consideran al microambiente de la matriz continente el factor de mayor incidencia en la conservación de restos arqueológicos. Por ejemplo, los ambientes anaerobios inhiben el desarrollo de microorganismos en tanto que los afluentes de temporal parecen perjudiciales para la estructura del hueso. Esto fue comprobado por Ana Julia Aguirre y colaboradores (2011) quienes a través de un estudio de colágena histológicamente analizada determinaron que falange y fémur son los más óptimos para recuperación de ADNa.

Por ende, en el caso de muestras antiguas, uno de los criterios más importantes en la selección es la integridad física de la pieza, de modo que nos garantice tanto la conservación del material genético como su aislamiento del medioambiente. Otro punto importante a ser considerado durante el muestreo, es la esterilidad de la muestra, es decir, que se encuentre libre de ADN exógeno humano.

Los esqueletos procedentes de sitios arqueológicos presentan grandes diferencias en el estado de preservación, aun entre aquellos enterramientos que provienen de una misma área de excavación. Tal diversidad tiene un origen multicausal por la compleja interacción que ocurre entre un amplio rango de variables, tanto de los huesos como del ambiente. Los factores que determinan la preservación son de índole física, química y biológica: pueden ser tanto extrínsecos como intrínsecos al esqueleto y actuar de manera dependiente o independiente de otros. Valéry Zeitoun *et al* (1996) plantean que la conservación diferencial de los esqueletos está condicionada por el rol que juegan los agentes naturales en la desintegración y desaparición de los vestigios. Así, juzgan

primordial considerar dichos agentes en la evaluación de las posibilidades de explotación arqueométrica de un material (Zeitoun *et al*, 1996:291).

En este apartado desarrollaremos los criterios de evaluación que utilizamos para seleccionar el material arqueológico empleado en el presente estudio. Para ello retomamos el esquema planteado por Eva Leticia Brito Benítez (1999:33, 47 y 49) para describir los factores involucrados en el proceso diagenético.

➤ Factores extrínsecos

- El medio ambiente. Aquí se incluyen
  - a) El contexto arqueológico, que comprende elementos geográficos y geológicos (suelo, sedimento y rellenos)
  - b) Factores fisicoquímicos (agua y humedad; temperatura, oxígeno, luz y grado de acidez y alcalinidad)
  - c) Factores biológicos (flora y fauna)
- El tiempo de enterramiento
- El hombre

➤ Factores intrínsecos

- Deterioro de la fase inorgánica
- Deterioro de la fase orgánica

Todos estos factores tienen incidencia en el proceso de desintegración ósea, sin embargo, algunos de ellos son mayormente relevantes cuando de la conservación del ADN se trata. Mencionaremos en términos generales sus mecanismos de acción y cómo es que éstos afectan la conservación del material genético.

Si bien el ADN se integra a la fase mineral durante el proceso de fosilización, en el hueso vivo formó parte de la fase orgánica, por lo que sufre degradación hidrolítica igual que el colágeno y otras proteínas. La hidrólisis acontece en dos lugares específicos de la

molécula: los *enlaces fosfodiéster* (el grupo fosfato que une las desoxirribosas entre sí) y los *enlaces glicosídicos* (que conectan las bases nitrogenadas a las desoxirribosas).

La ruptura de los enlaces fosfodiéster segmenta la cadena de ADN y la de los enlaces glicosídicos suele provocar la pérdida de la base nitrogenada correspondiente formándose sitios apurínicos en un proceso conocido como *depurinización* o *depirimidización*, dependiendo del tipo de base nitrogenada que se pierda (Fernández Domínguez *et al*, 2003:29). Dados los efectos de ambos tipos de hidrólisis, el ADN alojado en la fase inorgánica es una molécula dañada de menor longitud. Sin embargo, en términos de conservación e integridad de la secuencia, el ADNmt puede sortear los efectos de la depurinización más exitosamente que el ADNn.

El límite de la supervivencia del ADN es frecuentemente fijado en 100,000 años, pero para Collins *et al* (2002) el criterio cronológico no es un concepto muy útil. Este equipo sometió a extracción de ADN dos colecciones osteológicas, una proveniente de un cementerio sajón y otra de una fosa común de la guerra civil estadounidense (s. XIX). En esta última no obtuvieron ADN, mientras que en la primera colección, a pesar de ser mucho más antigua, el rendimiento fue bueno. Este hallazgo los llevó a plantear la tafonomía y la temperatura como factores que deben tomarse en cuenta al momento de evaluar el estado de conservación del ADN.

En este sentido, Geigl (2002), basado en las condiciones existentes en sistemas biológicos después de la muerte de un organismo, propone que en solución fisiológica a 15°C, la depurinización del ADN desembocará en la degradación total de un fragmento de 800 pb en un lapso de entre 5,000 y 10,000 años. Asimismo, para este autor la preservación del ADN por un largo periodo de tiempo acontece en un ambiente físico-químico muy particular; un “nicho molecular”, definido en gran parte por eventos *perimórtem* específicamente la manera como acontece la degradación microbiana.

Por ejemplo, si se elimina mecánicamente la masa muscular, se remueve el sustrato bacteriano, promotor de la putrefacción y consecuentemente, de la degradación del ADN durante la fase inicial. Así, probablemente se favorece la conservación de fragmentos de material genético en zonas del hueso físicamente inaccesibles para las ADNas microbianas. Más aún, la hidrólisis de la estructura de la cadena implica la acción de proteinasas secretadas por hongos y microorganismos, ello implica un aumento en la

termodinámica molecular, de modo que, al ser menor la presencia de microorganismos desintegradores en hueso descarnado, además de preservarse mejor la estructura histológica como lo plantea Hedges (2002) y de conservarse el ADN como señala Geigl, la temperatura en que acontece la fosilización es más baja y por ende, aumentan las probabilidades de extraer ADN potencialmente amplificable.

Por otra parte, Tuross (1994) se basa en las diferencias observadas en el rendimiento de ADN de hueso enterrado fresco y hueso intemperizado para sostener que el enterramiento rápido beneficia la conservación molecular. En hueso fresco obtuvo entre 3 y 5.5  $\mu\text{g/g}$  de rendimiento de ADN prevaeciente, mientras que en hueso antiguo el contenido de ADN fue de entre 2 y 0.2  $\mu\text{g/g}$ . Tuross concluye que el ambiente *post mórtem* tiene un impacto directo en la cantidad de ADN preservado, pues una vez ocurrida la esqueletización del individuo, el ADN es mucho más estable.

A través de la lectura de estas hipótesis, podemos concluir que son dos los factores determinantes en la conservación del ADN fósil. Estos son el enterramiento rápido para evitar el intemperismo del hueso y la ausencia de tejido blando, directamente involucrado en los procesos de putrefacción.

### **Representatividad del *corpus* muestral**

La selección de las muestras corrió a cargo de la Dra. Abigail Meza Peñaloza, quien optó por recuperar el 5to metatarso izquierdo a fin de evitar la duplicación de muestras de un mismo individuo. Para el presente estudio trabajamos con 16 individuos subadultos seleccionados dentro de los cien individuos encontrados en el chultún. Cabe mencionar que la investigación de este depósito es encabezada por la Dra. Oana del Castillo Chávez y en una primera etapa incluyó la identificación de piezas óseas, su lateralización y correlación con otras con la finalidad de individualizar la colección. Dicho proyecto de investigación, responde a los siguientes objetivos:

- 1) Caracterizar al grupo según el sexo a partir de características morfológicas y morfométricas.
- 2) Caracterizar al grupo según el sexo a partir del cromosoma Y.
- 3) Determinar la edad de los individuos.

Una última etapa implica caracterizar las estructuras genéticas a partir de haplogrupos de ADNmt a nivel intergrupar. Esta es la que corresponde a nuestra investigación, donde identificaremos haplogrupos y polimorfismos diagnósticos de haplotipos en región conservada a través de reacciones de restricción RFLPs.

Tratándose de muestras antiguas, uno de los criterios más importantes en la selección es la integridad física de la pieza, de modo que nos garantice tanto la conservación del material genético como su aislamiento del medioambiente. Cabe señalar que si bien la extracción es de ADN total, aquel de origen vegetal, animal o microbiano no representa un riesgo de contaminación en la amplificación, ya que se emplean iniciadores (*primers*) específicos para *Homo sapiens*. En consecuencia, dos son las principales fuentes de contaminación potencial con ADN exógeno: el propio equipo de investigación y aquellos quienes estuvieron involucrados en el proceso de excavación, de ahí la importancia de manipular las muestras en condiciones de aislamiento. Para este caso en particular, tuvimos en cuenta que casi la totalidad de las muestras proviene de una excavación realizada en 1967; en esa época los estudios arqueomoleculares recién comenzaban. En este sentido, optamos por seleccionar falanges.

### **Extracción de ADN**

La representatividad del *corpus* muestral también tiene que ver con la fidelidad de los resultados. Existen criterios de autenticidad (Cooper y Poinar, 2000; Gilbert *et al*, 2005):

1. Separar las áreas de trabajo (uno para la limpieza, otro para la extracción, otro para la amplificación con PCR).
2. Utilizar controles positivos y negativos en la extracción y en la amplificación del PCR.
3. Replicar independientemente los experimentos en otros laboratorios de investigación.
4. Duplicar los experimentos, en distintos momentos.
5. Clonar los productos. La clonación de ADN amplificado y no amplificado permite medir la degradación inicial, la posible contaminación y la unión de los *primers* en la PCR.
6. Verificar el tamaño de la molécula de ADN (los productos de mayor tamaño deben

ser interpretados con precaución).

7. Llevar controles como indicadores de la preservación de la muestra con otro tipo de moléculas, como son la colágena o la racemización de aminoácidos.
8. Contar con muestras control antiguas y contemporáneas durante la PCR.
9. Medir la cantidad de moléculas de ADN mediante PCR en tiempo real. Esta metodología genera un número copias que se están formando en la reacción de PCR.

Antes de procesar la muestra deben eliminarse los rastros de ADN exógeno que ésta pudiera contener en sus superficies.

1. Debe realizarse en un área separada
2. Debe emplearse una bata únicamente para usar dentro de este espacio. Guantes y cubrebocas
3. Se emplea un fragmento de hueso que esté bien conservado (preferentemente tejido compacto)
4. Al terminar de segmentarlo, debe pesarse y registrarse en la bitácora dispuesta para ello.

Eliminar ADN exógeno de la superficie de la muestra son varios los métodos que se pueden utilizar, tales como la inmersión en ácidos débiles, la abrasión mecánica, la radiación con luz ultravioleta o la combinación de algunas. Como nuestra colección está compuesta por falanges de las cuales no se cuantificó la posibilidad de extracción de ADN en buen estado de conservación, elegimos cortar en un cuarto específico para esta actividad, a fin de evitar cualquier tipo de contaminación con ADN ambiental de las anteriores y muestrear únicamente la diáfisis. Empleamos una herramienta rotatoria multifuncional (*dremmel*) para cortar las piezas con discos de acero, uno por cada pieza. Al terminar el corte, la herramienta era sometida a rocío de una solución de hipoclorito de sodio ( $\text{NaClO}_2$ ) comercial al 0.1% en agua bidestilada (Milipore) para eliminar el polvo de hueso al interior de la herramienta. Finalmente se embala la pieza en una bolsa de papel encerado, debidamente rotulada.

La extracción debe realizarse en un área aislada específica para este paso. Antes de empezar debemos eliminar el ADN exógeno usando una solución de cloro para limpiar todas las superficies (puertas, campana de extracción, mesa, banco). Antes de extraer, se deja por espacio de 1 hora en radiación con luz UV. En este momento ya deben estar dentro todos los materiales que van a ser empleados en el proceso de lijado y molienda. Para ingresar a trabajar en esta área, es obligatorio hacerlo con ropa de cirugía: gorro, cubrebocas, casaca, pantalón y botas. La muestra se preparara así:

1. Dentro de una caja de Petri, se coloca un papel filtro redondo: éste se empleará para manipular el fragmento de hueso.
2. Se lija el hueso con una solución de agua y jabón neutro. Una vez eliminadas las manchas superficiales, se enjuaga con agua destilada.
3. Se coloca el hueso en cloro por 2 segundos. Se enjuaga con agua bidestilada.
4. Se enjuaga con agua bidestilada una vez más para eliminar por completo el cloro.
5. Se enjuaga con alcohol
6. Finalmente se enjuaga una vez más con agua bidestilada y se deja secar en la campana de extracción.
7. Se pasa a un mortero, donde buscaremos reducirlo a polvo.

La recuperación de ADN antiguo es complicada debido a la degradación sufrida durante el tiempo de enterramiento, sin embargo, en el caso de la colección por nosotros estudiada el método de extracción por columnas de matriz de lisis adaptado por Aguirre Samudio *et al* (2011) nos dio un buen resultado en nuestras amplificaciones, secuenciaciones y restricciones.

1. Se colocan 500 mg del polvo en el tubo matriz de lisis.
2. Se colocan los tubos en el homogeneizador por un minuto, cuidando que tengan 180° de separación entre ellos.
3. Se añade a los tubos:

EDTA 0.5M	5µl
SDS 10%	200µl
Proteinasa K 20 mg/ml	200µl
4. Se incuban los tubos en baño maría a 50°C por 1 hr. En movimiento.

5. Se deja toda la noche en baño maría a 37°C. En movimiento.
6. Al otro día, añadir 1ml de *Dehybernation Solution A* e incubar de 2 a 4 hrs a 55°C
7. Centrifugar la muestra a 14,000 g por 5 minutos. La centrifuga debe estar a 4°C.
8. Transferir sobrenadante a un tubo *ependorf* de 1.5 ml y centrifugar a 14,000 g por 1 minuto.
9. Añadir 1.2 ml de *Ancient DNA Glassmilk* y mantener 30 minutos en movimiento.
10. Transferir a una columna de purificación. Centrifugar.
11. Añadir 500 µl de *Salton Wash #1*, diluir el precipitado y centrifugar.
12. Añadir 500 µl de *Salton Wash #2*, diluir el precipitado y centrifugar.
13. Preparar una mezcla de:

Alcohol isoamílico	450 µl
Acetato de amonio 5M	50µl
14. Añadir la mezcla a la columna, diluir el precipitado y centrifugar a 14,000 por 1 minuto.
15. Descartar el remanente y volver a centrifugar por 2 minutos para terminar de secar
16. Colocar la columna en un nuevo tubo y eluir en 50 µl de agua ultrapura.

En lo tocante a la tasa de eficiencia del método de extracción empleado, ésta es buena, ya que el 98% de las muestras seleccionadas para este estudio, contuvieron ADN humano en condiciones óptimas para su análisis. Recuperamos fragmentos de poco más 200 pb.

### **Selección del segmento a estudiar: el ADNmt**

La recuperación de ADN es complicada debido a la degradación sufrida durante el tiempo de enterramiento, razón por la cual se dificulta la obtención de una amplia gama de marcadores poblacionales. Por las características que hemos enumerado, la mayoría de los estudios en poblaciones antiguas se han hecho buscando los marcadores de mitocondrial. Sin embargo, un estudio de antropología genética contempla otros marcadores para poder identificar la variabilidad poblacional en una región y sobre todo, para poder evaluar cómo los desplazamientos poblacionales están influyendo en la estructura genética de los grupos analizados. Si contamos con la totalidad de sitios polimórficos presentes en el ADNmt de un individuo, más la secuencia de ADN nuclear

(ADNn) y en el caso de los varones contar con la batería de sitios polimórficos del Cromosoma Y (cY), podríamos tener una imagen más precisa de una multiplicidad de ancestrías desplazándose en un área geográfica determinada, como queda manifiesto en el trabajo de González Sobrino sobre población mexicana (*passim*, González-Sobrino, 2016). Sin embargo, esto generalmente no es posible con restos óseos antiguos debido a sus condiciones de conservación. En estos casos, la estructura genómica más reportada en estudios poblacionales es la molécula de ADNmt pues su forma circular la dota de estabilidad y como se encuentran 5,000 copias en cada célula, es mucho más probable recuperarla de la fase inorgánica del hueso.

En los estudios con ADN antiguo, dependiendo del estado de conservación del material arqueológico, la longitud de los fragmentos recuperados oscila entre los 100 y 1000 pb (v. Pääbo, 1985), suficiente para buscar en ellos las pequeñas secuencias polimórficas diagnósticas de cada haplogrupo. Para identificar los polimorfismos presentes en la región codificante del ADNmt de las muestras de Chichén Itzá, nosotros elegimos la identificación por Longitud de Fragmentos Restricción (RFLPs). Este análisis fracciona un genoma para revelar un *haplotipo*, es decir, una combinación única de mutaciones. A su vez, cada agrupación de haplotipos relacionados entre sí por una serie de polimorfismos compartidos, constituye un *haplogrupo*. En los estudios iniciales no se sabía el punto exacto de los sitios de restricción dentro de los genomas, sin embargo, se generaron gran cantidad de datos que permitieron construir “mapas de restricción” con los cuales se identificaron los haplogrupos; dichos mapas de restricción permiten estudiar únicamente los polimorfismos presentes en la región conservada (v. Cann *et al*, 1987).

### **Amplificación del ADNmt**

La técnica de replicación *in vitro* denominada *Reacción en Cadena de la Polimerasa* (PCR) parte del principio de complementariedad de las bases y de la capacidad natural de las ADN polimerasas para replicar cadenas simples del ADN. En términos muy generales, podemos describir el proceso así: se separa la doble hélice para que la ADN polimerasa identifique cada uno de los nucleótidos de una hebra simple y le engarce su complementario, de modo que en cada ciclo, tendremos un aumento exponencial del ADN.

Dado que la doble hélice se desnaturaliza a más de 94°C e hibrida en un rango entre 50 y 65°C, es necesario aplicar ciclos de altas y bajas temperaturas.

Por otra parte, no es posible replicar el ADN completo, pues cuanto más larga es la secuencia menor es la eficiencia de la PCR, de modo que deben seleccionarse fragmentos no mayores a 10kb, mismos que se delimitan empleando pequeñas secuencias de hasta 20 pb denominadas “iniciadores” o *primers* y se emplea una para cada cadena (Arnheim y Erlich, 1992:132-137).

Desde finales de la década de 1980, la PCR ha sido una herramienta importante en los estudios paleogenéticos. Sin embargo, el proceso de replicación de ADN es difícil en primera instancia porque se trata de material en proceso de desintegración, lo cual genera faltantes o errores en la secuencia, dificultándose el trabajo de la ADN polimerasa (Montiel *et al*, 1997:222-223). Incluso el ADN purificado –de empleo obligado en la replicación- es una molécula de bajo peso que presenta severos daños, incluyendo pirimidinas modificadas, azúcares residuales, sitios abásicos, entrecruzamientos, deaminaciones y rupturas de cadena sencilla, todos ellos producto de la hidrólisis y la depirimidización sufridas por el material genético durante el tiempo de enterramiento (Mitchell *et al*, 2005:267).

No obstante, la dificultad más grande es la inhibición de la actividad de la ADN polimerasa debido a los productos químicos de la diagénesis, denominados genéricamente *inhibidores*. Algunos de ellos son metales y minerales (elementos cuya covalencia es positiva), los ácidos húmicos, los productos de Maillard y las porfirinas (productos de la ruptura del grupo hemo) que pueden acomplejar el magnesio ( $Mg^{2+}$ ) requerido para la actividad enzimática (Fernández Domínguez *et al*, 2003:31-32).

Debido a la elevada sensibilidad que la técnica de PCR posee, es necesario preparar y analizar las reacciones de PCR en áreas separadas de laboratorio, pues una sola secuencia exógena puede amplificarse exponencialmente, afectando nuestro amplificado. El material que se emplea en ello debe estar asimismo esterilizado.

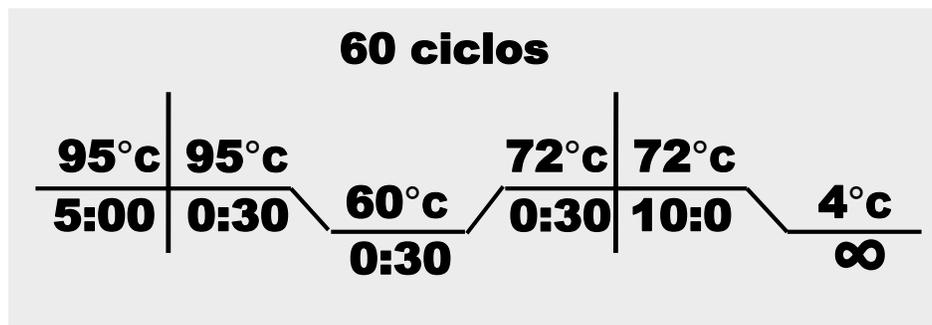
Buscamos un amplificado de 170pb del segmento donde se ubica el polimorfismo característico del haplogrupo A. Sometimos reacciones de 2  $\mu$ l a un programa de termociclado de 60 ciclos empleando una enzima sintetizadora de alta fidelidad AmpliTaq

Gold® a una concentración de 2 unidades por reacción de 25 µl. El protocolo de amplificación que empleamos es el contenido en el Cuadro 1 y se basa en el de Aguirre Samudio (2011) para ADNA. En él destaca el uso de formamida (CH<sub>3</sub>NO) para ayudar a la estabilización de la polimerasa, pues como hemos comentado, el magnesio (Mg<sup>2+</sup>) puede acomplejarse ante la presencia de ácidos húmicos y otros compuestos involucrados en la diagénesis.

**Cuadro 1**

<b>Reactivo</b>	<b>Volúmen</b>	<b>Conc. final</b>
Buffer 12x	3 µl	1x
dNTPS (300mM)	3.75 µl	133µM
MgCl (25mM)	2.8 µl	125 µM
BSA (2%)	0.5 µl	0.125%
CH <sub>3</sub> NO	1.25 µl	5%
Primer L (10 mM)	1.75 µl	10 pmol
Primer H (10 mM)	1.75 µl	10 pmol
H <sub>2</sub> O	11.05 µl	_____
DNA	8 µl	_____
Taq (5 U/µl)	0.4 µl	5 U

El programa de termociclado elegido es el que se muestra a continuación:



Para su correcto funcionamiento, la polimerasa requiere de ciertos cofactores. El magnesio es el más crítico de ellos y constituye uno de los blancos de las sustancias inhibitoras, las que al impedirle unirse con el ADN, interfieren la actividad enzimática. Por esta razón añadimos 0.2 µl de cloruro de magnesio (MgCl 50 mm) a la mezcla de reacción. En el mismo sentido, adicionamos 1.5 µl de albúmina sérica bovina (BSA); esta proteína secuestra grupos fenólicos evitando su enlace a la polimerasa (Pääbo *et al*, 1988) y también impide que los reactivos empleados en la PCR se adhieran a las paredes del tubo de reacción, manteniéndolos así disponibles en el transcurso del proceso de amplificación (Bessetti, 2007). Por último, la formamida (CH<sub>3</sub>NO) contribuye con el magnesio, aunque deben estar equilibradas las cantidades entre ambos o de lo contrario decrece la actividad de la polimerasa.

Para verificar electroforéticamente el amplificado, cargamos 5 µl de la reacción en un gel de agarosa al 2%. La electroforesis separa moléculas en razón de su movilidad en un campo eléctrico; así es como se forman las “bandas”, es decir las concentraciones de moléculas de un mismo tamaño.

### **Determinación de haplogrupo por RFLPs**

Nosotros elegimos la identificación por Longitud de Fragmentos Restricción (RFLPs). El mecanismo es sencillo, la determinación de polimorfismos por RFLPs emplea *enzimas de restricción* que pueden reconocer una secuencia de nucleótidos de entre 4 y 12 pares de bases, y romper los enlaces fosfodiéster de la doble cadena en un punto específico llamado *sitio de restricción* o *sitio de corte*. Por medio de la restricción es posible la identificación de polimorfismos en una secuencia dada (Bolívar Zapata, 2001:40-45).

Tomemos por ejemplo el polimorfismo característico del haplogrupo mitocondrial A: la secuencia de referencia presenta en la cadena ligera una A en la posición 663, mientras que la secuencia correspondiente al Haplogrupo A, presentará en la misma posición una G. La enzima Hae III, reconocerá la secuencia CT | GG y romperá los enlaces fosfodiéster entre T y G.

Dado que el tamaño del producto de amplificación es de 170 pb, la restricción nos generará dos fragmentos observables electroforéticamente: el primero de 77 pb y el segundo de 93 pb. A esto se le llama “ganancia del sitio de restricción”

También es posible determinar la pertenencia de un individuo a determinado haplogrupo por ausencia del sitio de corte. Es decir, el sitio de corte está presente en la secuencia de referencia, de tal manera que si la muestra es polimórfica, la enzima no romperá los enlaces en ese punto. A este tipo de RFLP se le llama “pérdida del sitio de restricción”.

Por último, las *delesiones* –anglicismo empleado para referirse a la pérdida de un segmento de la secuencia- también son importantes para la determinación de haplogrupos. En nuestro caso sólo el Haplogrupo B presenta la supresión de 9 pb.

La manera en que nosotros observamos esto es a través de un corrido electroforético de un gel de acrilamida al 15%. La acrilamida permite distinguir fragmentos más pequeños de modo que es eficaz para observar si las muestras presentan o no restricción. A continuación pondremos un ejemplo respecto a algunas de las muestras (Fig. 7 y 8)

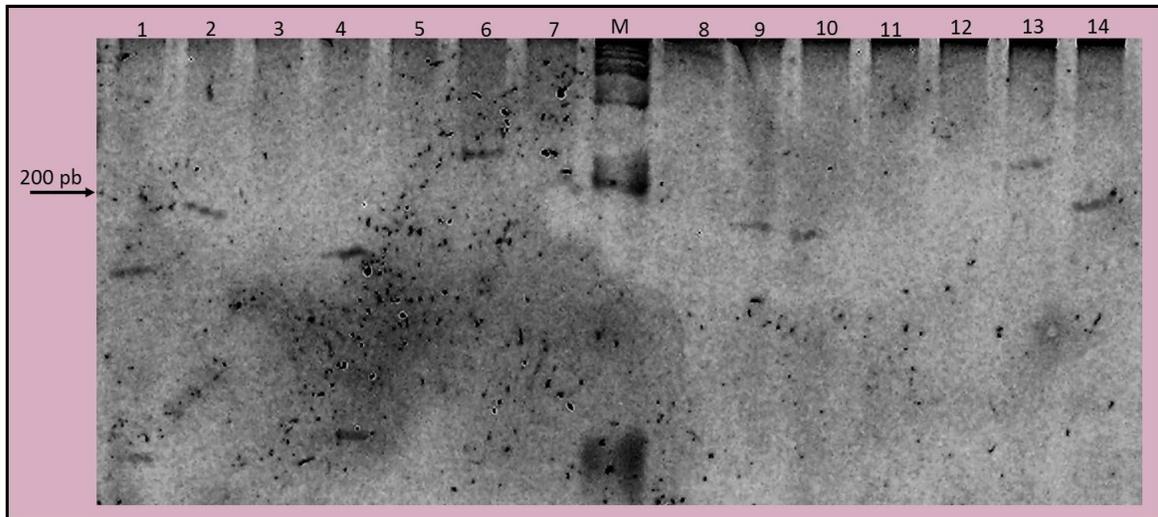


Figura 7. **Restricción con HAE III y delección de 9 pb.** La enzima detecta el polimorfismo del haplogrupo A. La delección es característica del haplogrupo B (Foto: Diana B. Ríos)

**Cuadro 2**

	CARRIL	MUESTRA	RESTRINGE
<b>HAE III</b>	1	MCh67/YOC1	SÍ
	2	MCh67/YOC3a	NO
	3	MCh67/YOC3b	-
	4	MCh67/YOC4a	SÍ
	5	MCh67/YOC4b	-
	6	Control	-
<b>DEL 9</b>	7	MCh67/YOC1	-
<b>M</b>	M	1000 pb	-
<b>DEL 9</b>	8	MCh67/YOC2	-
	9	MCh67/YOC3a	DELESIÓN
	10	MCh67/YOC3b	-
	11	MCh67/YOC4a	-
	12	MCh67/YOC4b	-
	13	Control	NO
	14	CONTROL	NO

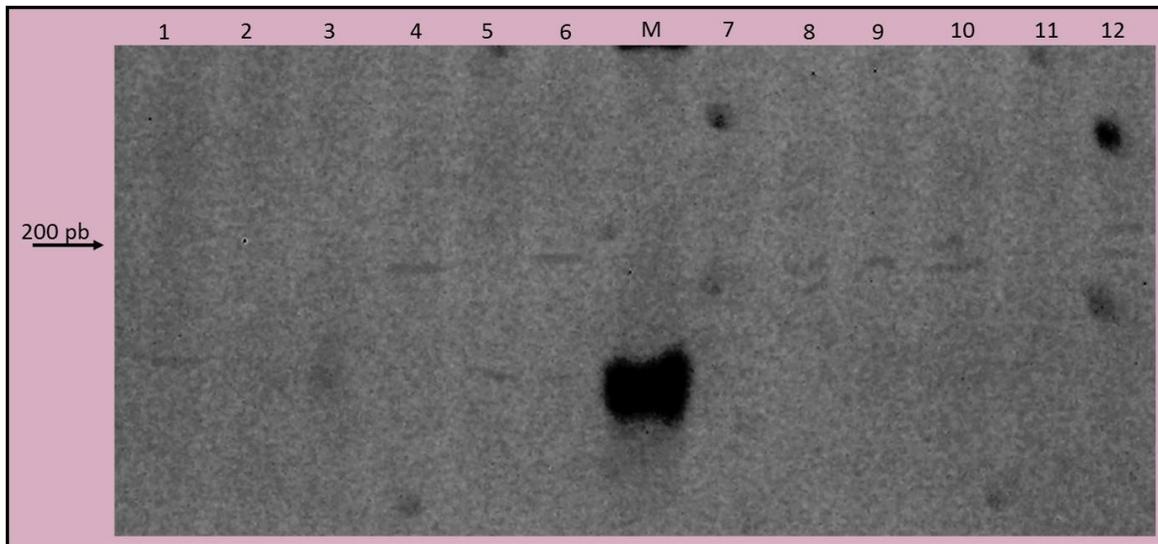


Figura 8. **Restricción con HINC II y ALU I.** La primer enzima digiere el polimorfismo del haplogrupo C y la segunda no digiere si la muestra es haplogrupo D (Foto: Diana B. Ríos).

**Cuadro 3**

	CARRIL	MUESTRA	RESTRINGE
<b>HINC II</b>	1	MCh67/YOC1	-
	2	MCh67/YOC2	-
	3	MCh67/YOC3a	-
	4	MCh67/YOC3b	Sí
	5	MCh67/YOC4a	Sí
	6	MCh67/YOC4b	Sí
<b>M</b>		1000 pb	-
<b>DEL 9</b>	7	MCh67/YOC1	Sí
	8	MCh67/YOC2	Sí
	9	MCh67/YOC3a	Sí
	10	MCh67/YOC3b	Sí
	11	MCh67/YOC4a	Sí
	12	MCH67/YOC4B	NO

Se trabajaron un total de 16 muestras, cuatro por cada grupo etario. Las muestras que fueron óptimas para obtener RFLPs fueron 11, cuyos resultados se muestran a continuación. Si bien existe una alta representación del haplogrupo A, están representados los haplogrupos B y D, lo cual concuerda con la distribución de frecuencias esperada para haplogrupos mitocondriales en población indígena mexicana (v. González-Sobrino *et al*, 2016:60)

**Cuadro 4**

<b>Resultados de restricción de las muestras de Chichén Itzá</b>		
		Haplogrupo
Grupo de adultos	MCh67/YOC1	A
	MCh67/YOC2	A
	MCh67/YOC3	B
	MCh67/YOC4	A
	MCh67/YOC10-I	D
	MCh67/YOC10-II	A
Grupo 5 a 7 años	MCh67/17-I	B
Grupo de 9 a 11 años	MCh67/36-II	A
	MCh67/36-III	A
Grupo de 12 a 15 años	MCh67/27-II	A
	MCh67/27-III	A

## 4. Discusión

Nuestro interés es conocer la diversidad poblacional existente en las muestras con la finalidad de proyectar esos resultados hacia la explicación de las relaciones de cambio social e interacción con otras poblaciones fuera del área maya que se empiezan a suceder en el Clásico Terminal y las cuales marcan de manera definitiva las dinámicas de intercambio y organización social del Posclásico en el norte de Yucatán.

Establecimos como objetivos particulares, conocer el grado de divergencia existente entre las poblaciones del altiplano central y del norte de Yucatán en un periodo de profundos cambios sociales y también explorar la divergencia entre poblaciones mayas modernas y antiguas. En cuanto a las distancias génicas entre los universos muestrales prehispánicos, a través de su análisis nos propusimos identificar cercanía entre las poblaciones de Chichén Itzá y de Teotihuacan debido a que fueron los desarrollos urbanos de mayor influencia durante el Clásico, el Epiclásico y el Posclásico. Por último, esperábamos que la población maya prehispánica presentara una estructura genética correspondiente con las frecuencias observadas en población actual.

Para tal efecto, procedimos a comparar nuestras frecuencias haplotípicas mitocondriales con las frecuencias reportadas por otros investigadores quienes han trabajado con material óseo de contextos arqueológicos similares en cronología, en área cultural o ambas. Debido al bajo número de muestras antiguas, el *corpus* bioestadístico se robustece con frecuencias contemporáneas reportadas para los grupos poblacionales o regiones geográficas afines al estudio.

En este caso, nuestro criterio de selección fue netamente geográfico: empleamos muestras de comunidades mayas yucatecas contemporáneas proporcionadas por el proyecto *Diversidad genética en México* dirigido por la dra. Blanca Z. González Sobrino (IIA-UNAM) pero también, para poder obtener un panorama sobre la diversidad dentro del área maya, se incorporaron tanto grupos centroamericanos de los que se asume una ancestría común con los pueblos mayas, tanto como de grupos étnicos del norte de México con los cuales no guardan relación estrecha ni cultural ni biológica las poblaciones de la península de Yucatán. Estos datos provienen de bibliografía citada (Merriwether *et al*, 1997; González-Oliver *et al*, 2001; Kemp *et al*, 2005; López Armenta, 2007; Mata-

Míguez *et al*, 2012; Moreno-Estrada *et al*, 2013; Aguirre Samudio *et al*, 2016; González-Sobрино, 2016) y nuestro *corpus* está integrado por 1229 muestras provenientes de 15 poblaciones específicas. Las frecuencias haplotípicas las observamos por haplotipo (Cuadro 5) y por grupo (Fig.9)

Como puede observarse en el gráfico (Fig. 9), la variabilidad en población mexicana es homogénea, por lo que requeríamos advertir las distancias existentes entre los grupos fuera de la media y de la moda, esto implicaba el uso de un análisis estadístico de varianza molecular (AMOVA). Esto implicaba que además de considerar los  $F_{ST}$ , empleáramos un modelo estadístico que analizara la varianza, por lo que empleamos  $PH_{ST}$ , un modelo AMOVA, análisis de varianza que permite comprobar la bondad de una estructura genética jerárquica propuesta *a priori*. La varianza molecular total es la suma de los componentes de la covarianza debidos por ejemplo a las diferencias entre los individuos dentro de una población, a las diferencias entre las distintas poblaciones dentro de un grupo y a las diferencias entre distintos grupos de poblaciones (Moreno Vázquez, 2001:256). El parámetro empleado fue el de Jukes y Cantor (1969), el cual permite calcular las mutaciones reversibles.

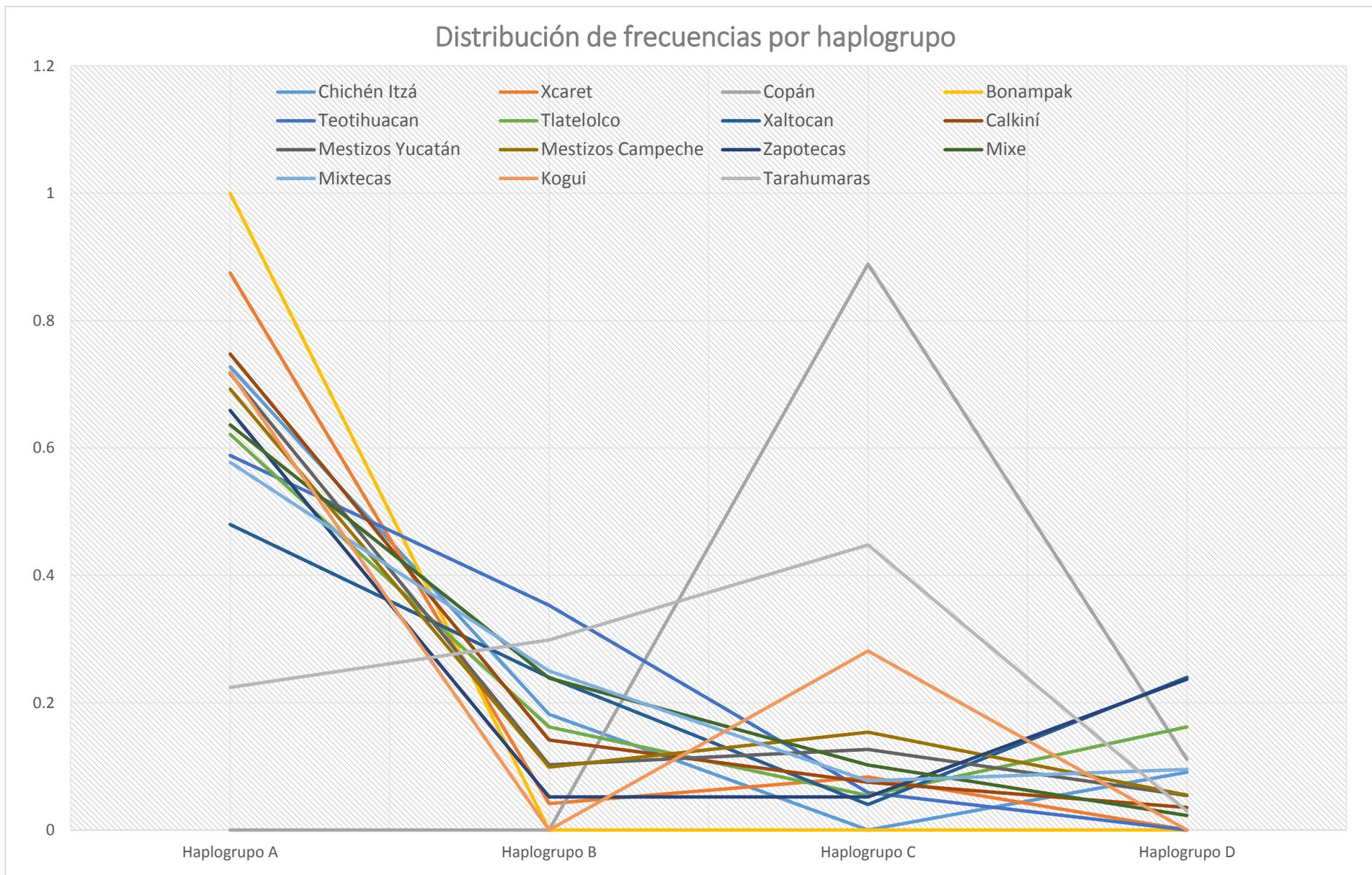


Figura 9. **Distribución de frecuencias por haplogrupo.** Puede observarse la homogeneidad de la población mexicana

## 4.1 Análisis de distancias genéticas

Los niveles de diferenciación genética entre poblaciones pareadas fueron estimados mediante el AMOVA, comparaciones directas de distancias por pares de filiación total en subpoblación ( $F_{ST}$ ) y linealizadas por matriz de Slatkin (1994) la cual considera el equilibrio entre flujo génico y migraciones presente en la estructura de las poblaciones. Todos los cálculos de distancias los corrimos con 10.100 permutaciones usando el software ARLEQUIN v. 3.0 (Excoffier *et al*, 2005), una versión mejorada de AMOVA.

Respecto a los datos de heterocigocidad, consideramos los tres niveles de pruebas AMOVA: individuos, poblaciones y grupos de poblaciones. Para su interpretación estructuramos los grupos de datos con un criterio geográfico primero en un sentido diacrónico y en otro ejercicio consideramos únicamente muestras prehispánicas. Los grupos resultantes del análisis de la estructura se emplearon para construir un dendrograma euclidiano por el método de *Media aritmética no ponderada* (UPGMA), utilizando con la matriz de distancia de  $F_{ST}$  linealizada.

El agrupamiento jerarquizado de grupos a través de frecuencias espaciales fue construido con el software STATISTICA 7, a través del *análisis de los componentes principales*. Esto es un método que calcula la distancia a través del *agrupamiento combinado* de dos grupos para todas las variables y casos; el centroide resultante es una combinación ponderada de ambos dos grupos. La agrupación jerárquica fue analizada con el algoritmo *K-means Clustering* (dentro de STATISTICA 7) para calcular la distancia o la matriz de similitud entre todos los pares de casos. Así es como se obtienen distancias euclidianas existentes entre las poblaciones analizadas y podemos identificar cuáles han mantenido similitud a lo largo el tiempo.

A través de este protocolo de análisis bioestadístico (v. Aguirre Samudio *et al*, 2016; González-Sobrinó *et al*, 2016:57-59) podremos ver las distancias existentes entre las poblaciones del área maya y las de otras regiones con las que hubo intenso contacto en la época prehispánica. Para ello realizamos 15 estructuras diferentes, para recuperar tres modelos consistentes. Cabe señalar que en el tercero, por tratarse únicamente de población prehispánica con una N de tamaño muestral pequeña, el *valor p* (que permite ponderar la hipótesis nula) arroja números negativos. En este sentido, el resultado se

muestra de manera ilustrativa y en todo caso señala la importancia de contar con una mayor cantidad de estudios en genética de poblaciones realizados a colecciones osteológicas prehispánicas.

Entender los procesos que involucra la distribución geográfica de los linajes implica el estudio de eventos históricos y demográfico que les dieron lugar. En términos de genética, sabemos que existen sitios neutrales y selectivos, la interpretación de la diferenciación de los primeros a nivel poblacional dependerá de las características demográficas, las tasas de mutación, así como a la historia estocástica de los genes.

El ADNmt es un sistema en donde no hay recombinación por lo que resulta muy útil para la reconstrucción de las filogenias; pues sus variaciones pasan de una generación a otra como bloques haplotípicos y la diversificación se presenta en las mutaciones intra-alélicas. Asimismo, al presentar una fuerte correlación con la distribución geográfica, hacen posible conocer o entender ciertos patrones de migración y estructuraciones poblacionales; sin embargo estos marcadores representan parcialmente la historia de las poblaciones humanas, tanto porque se restringen solamente al recorrido de las mujeres como por la población efectiva respecto a dichos linajes: el ADNmt se transmite tanto a las hijas como a los hijos, siendo éstas quienes lo pueden heredar a la siguiente generación. Esto significa que al reducirse el tamaño efectivo de la población, estos sistemas genéticos quedan susceptibles a los efectos de la deriva genética debido a los cambios aleatorios en las frecuencias haplotípicas de una generación a otra, lo que a su vez acelera la diferenciación entre poblaciones.

En cuanto a las distancias evolutivas es necesario no perder de vista los factores intrínsecos de los *loci* bajo estudio en función de mutaciones, mecanismos de selección, migración y deriva, así como el tamaño de las poblaciones de interés y su recorrido demográfico. Por ello se desarrollaron métodos como el de Bandelt (*apud* 1999) donde la reconstrucción filogenética se basa en la síntesis de árboles muy parsimoniosos a partir de un grupo de datos en forma de red. (*passim* González-Sobrinó, 2016)

**Cuadro 5**

Frecuencias haplotípicas del corpus analítico							
Muestra	Temporalidad	n					Referencia
			A	B	C	D	
Chichén Itzá	Clásico Terminal	11	0.727	0.181	0.000	0.090	presente estudio
Xcaret	Clásico	24	0.875	0.041	0.083	0.000	González-Oliver et al, 2001
Copán	Clásico	9	0.000	0.000	0.888	0.111	Merriwether et al, 1997
Bonampak	Clásico	4	1.000	0.000	0.000	0.000	López Armenta, 2007
Teotihuacan	Mazapa Xolalpan	17	0.588	0.352	0.058	0.000	Aguirre Samudio, 2016
Tlatelolco	Posclásico	37	0.621	0.162	0.054	0.162	Kemp, 2005
Xaltocan	Posclásico	25	0.480	0.240	0.040	0.240	Mata-Miguez, 2012
Calkiní	Moderno	226	0.747	0.141	0.075	0.035	González Sobrino, 2016
Mestizos Yucatán	Moderno	166	0.716	0.102	0.126	0.054	González Sobrino, 2016
Mestizos Campeche	Moderno	182	0.692	0.098	0.153	0.054	González Sobrino, 2016
Zapotecas	Moderno	173	0.658	0.052	0.052	0.236	González Sobrino, 2016
Mixe	Moderno	88	0.636	0.238	0.102	0.022	González Sobrino, 2016
Mixtecas	Moderno	168	0.577	0.250	0.077	0.095	González Sobrino, 2016
Kogui	Moderno	32	0.718	0.000	0.281	0.000	Moreno Estrada, 2013
Tarahumaras	Moderno	67	0.223	0.298	0.447	0.029	González Sobrino, 2016

Un estudio de genética de poblaciones desde un enfoque antropológico implica considerar aspectos geográficos, históricos y culturales que delimitan a las poblaciones humanas. Por este motivo, las poblaciones elegidas debían estar relacionadas temporal, cultural o espacialmente con la población maya prehispánica de Chichén Itzá y responder a las interrogantes sobre el cambio o la continuidad de la estructura genética de las poblaciones mayas a lo largo del tiempo. Asimismo, requeríamos observar el grado de divergencia entre el altiplano mexicano y el área maya durante el Clásico Tardío.

Las formas de organización social, política y territorial, así como el comercio, son importantes factores involucrados que pueden verse reflejados en la variabilidad poblacional. Por ejemplo, según el planteamiento de López Austin y López Luján, los cambios políticos y religiosos del posclásico implicaron la reorganización del territorio y el movimiento de personas (López Austin y López Luján, 1999). Para abordar estos

aspectos en la sociedad maya, nos basaremos principalmente en la amplia revisión sobre las sociedades mayas hecha por Benavides Castillo en el compilado *Historia del México Antiguo* (Benavides Castillo, 2001b, a). El autor nos dice que la célula básica de la sociedad maya fue la familia. La investigación epigráfica nos indica que ambas descendencias, patrilineal y matrilineal, eran importantes. Las familias extensas y su reconocimiento de un mismo vínculo de parentesco terminaron en la conformación de linajes. Estos linajes parecen haber tenido una tendencia patrilineal y patrilocal, si bien la descendencia por línea materna complementaba los lazos de parentesco.

En el clásico, la vida común era más o menos así: los campesinos habitaban en viviendas sencillas ubicadas en los alrededores de los grandes complejos arquitectónicos. Estos sectores populares constan de numerosas unidades habitacionales. Los campesinos practicaban la caza, la pesca y la recolección. Una segunda clase social incluía los especialistas de tiempo completo, circunstancia que les separaba del campesinado al tiempo que les facilitaba su cercanía al grupo en el poder. El corazón del asentamiento era ocupado por la clase rectora, es decir, la nobleza que argüía un parentesco con las divinidades para legitimarse.

Aparentemente las células básicas de la sociedad eran las familias extensas patrilocales, cada una con un ancestro común masculino. Esta situación se ha inferido de las excavaciones en unidades habitacionales, de representaciones de personajes y de documentos coloniales.

El estudio de los patrones de asentamiento en el área maya cobró mayor fuerza en los años sesenta y ochenta. Estos estudios se hicieron desde dos perspectivas complementarias: mientras algunos proyectos eligieron estudiarlos en la comunidad, otros equipos trabajaron el nivel regional. Es común encontrar los espacios habitacionales prehispánicos en grupos de tres o más alrededor de un patio. A veces también se cuenta con un inmueble dedicado a prácticas religiosas (que puede ser incluso la tumba de los antepasados), ubicado en uno de los lados del patio o al centro de éste (Benavides Castillo, 2001a:89). Así es como se ha podido establecer, en principio, que la unidad doméstica básica constaba de una casa similar a las viviendas de los campesinos tradicionales de hoy en día: familias extensas de hasta cuatro matrimonios habitando un mismo solar aunque en cuartos separados; trabajan una misma milpa que

provee hasta 400 kg anuales de maíz y siembran también calabaza, plátano y tubérculos (Daltabruit Godás, 1992:120-136).

Es oportuno señalar que trabajar con el linaje paterno, identificable a través de los marcadores del cromosoma Y, no fue posible en esta colección debido a las condiciones de degradación del ADN. Sin embargo consideramos que es un tema que podría ser explorado por otra investigación paralela a esta, sobre todo tomando en cuenta que en el espacio del Laboratorio de Antropología Genética del Instituto de Investigaciones Antropológicas ya se está trabajando con este tipo de marcadores

Regresando a las dinámicas de relaciones sociales y parentesco entre los mayas, los grupos domésticos constituían las unidades económicas centrales de una producción organizada en términos de las demandas familiares así como a la producción de un excedente dedicado al intercambio y al tributo. Si bien la familia nuclear pudo haber sido una unidad autónoma para las tareas cotidianas de la subsistencia, no era necesariamente la unidad más eficiente ni ofrecía ninguna protección contra la enfermedad, los accidentes o la vejez. Los mayas prevenían estas contingencias a través de la cooperación y la ayuda de la familia extensa, un grupo de varones parientes consanguíneos entre sí que junto con sus mujeres e hijas solteras funcionaban como unidad económica cooperativa. Ideal mente el grupo estaba compuesto por tres generaciones aunque en la práctica podía expandirse o contraerse según el azar de la vida familiar: los lazos familiares podían relajarse al morir los padres o cuando alguno de los hermanos tenía suficientes hijos para formar un grupo aparte. La unidad promedio era pequeña: cuatro o cinco hombres cuando mucho y cada familia extensa poseía huertos hortícolas y tenía acceso a la tierra comunal destinada al complejo productivo de la milpa. Esto no excluye el hecho de que las familias extensas pudieran organizarse a niveles más amplios (linajes, pueblos) para la producción, pero ésta siempre estaba orientada a la reproducción familiar (Farriss, 2012:181-183).

A partir de la evidencia arqueológica podemos hablar que en la sociedad maya del Clásico tardío fue una organización social básicamente orientada a la reproducción doméstica, donde los excedentes se entregaban como tributo. Puesto que no había interdependencia económica entre las distintas ciudades y aldeas, el comercio interno no podía vincularse al intercambio de bienes especializados. En esto tiene un papel

preponderante la similitud ecológica del entorno, la cual determinó la reducida especialización productiva. Pese a ello, como hemos visto, existió un grupo especializado de mercaderes profesionales (*Pplom*) equivalentes a los *pochteca* del altiplano mexicano, dedicados a las grandes travesías del comercio de bienes suntuarios. A través del área maya, esta clase de comercio se llevó a cabo desde finales del preclásico, de manera que ya en los últimos siglos de la vida maya independiente, el extenso circuito comercial recibía e intercambiaba productos de Honduras, Veracruz, Tabasco, Costa Rica, Panamá, Belice, Chiapas, Oaxaca y el altiplano central mexicano. Durante este periodo, al cambiar el polo de influencia al norte de la península de Yucatán, el comercio marítimo se ejerce con intensidad. De este modo, además de las comunidades de baja especialización enclavadas tierra adentro, se despliega una red de puertos costeros cuyo cometido era el trasiego de bienes suntuarios, pero también de bienes de consumo provenientes de regiones alejadas (*ibid*:50-51).

Respecto del comercio, sabemos que desde el clásico temprano empezó a conformarse un sistema de intercambio comercial sumamente complejo que involucró al altiplano central mexicano, la península de Yucatán y Centroamérica. Entre los mayas existió un comercio interno y externo muy desarrollado. Los mayas participaban en el comercio a larga distancia en mesoamérica y posiblemente más allá. Entre los bienes de comercio estaban el jade, el cacao, la sal y la obsidiana. (Cardos de Méndez, 1959).

En la península de Yucatán a partir del Clásico el comercio estuvo en manos de varios tipos de mercaderes. La mayoría pertenecía a una clase social intermedia entre los altos dignatarios y los campesinos. Ellos recorrían diversas poblaciones intercambiando artículos con numerosos productores y consumidores. Pero existía un grupo selecto de comerciantes vinculados a la élite gobernante que contaba con los medios para organizar y mantener relaciones comerciales a gran distancia.

Se presume que la institución económica más importante fue el mercado central, que se celebraba en el corazón de las grandes ciudades en espacios abiertos. Los días de mercado debieron coincidir con celebraciones religiosas periódicas de gran relevancia, gestándose así el inicio de fiestas religiosas y peregrinaciones que después cobraron mayor importancia. Tal es el caso del culto en el Cenote sagrado de Chichén Itzá (Gallenkamp, 1997:203-220). Arqueológicamente no existen vestigios de un gran

mercado similar al de Tlatelolco, en la Cuenca de México, lo cual es congruente con lo que hemos dicho respecto a la independencia económica de los pueblos y aldeas mayas. Puede que hayan existido intercambios locales por trueque, pero los documentos coloniales indican que las destrezas elementales del tejido, la curtiduría y la carpintería eran universales entre la gente del común y cada familia se hacía su propia ropa y sus enseres domésticos. El único producto indispensable y que no estaba disponible en el entorno inmediato del agricultor, era la sal. El acceso a las salinas costeras fue motivo de conflictos entre las poblaciones aledañas y las de tierra adentro, sin embargo nunca fueron motivo de monopolio por parte de alguna élite, sino que se mantuvo como una actividad colectiva que las provincias destinaban a la tributación. Fuese la sal o las mantas de algodón, la dirección del flujo de las mercaderías era del pueblo hacia la élite (Farriss, 2012:172-173)

Aunque cada provincia cultural del área maya desarrolló características propias y una individualidad especial de acuerdo con los elementos naturales y condiciones de hábitat con que contaba, siempre existió entre ellas un substrato común lingüístico, racial y cultural. Derivándose sus lenguas de un tronco común mayense, el maya de Yucatán podía entenderse sin gran dificultad con el hablante de chol o de tzotzil. Entre estos grupos afines, la hostilidad y el deseo de conquista no fue forzoso, pero esta situación no siempre fue tan pacífica. Un elemento importante en la conformación de este núcleo cultural fue el sistema caminero. El más grande de la península tuvo su centro en Cobá con una red comunicadora de su periferia y de su parte central. Otro mercado importante fue Izamal con una calzada de 32 km al poniente hasta Aké y otra de 14 km hacia el sur, hasta Kantunil. En el occidente peninsular la triada Uxmal-Nohpat-Kabak también contó con caminos de 18 km de longitud. Otros caminos de dimensiones semejantes han sido reportados en Dzibilchaltún Chichén Itzá, Oxkintok, Sayil, Labná y Yaaxhom (Cardos de Méndez, 1959:57-58).

Por lo que se refiere al comercio externo a la zona, los cronistas mencionan un importante centro comercial en la frontera este de la zona maya, Xicalanco. Sahagún hablando de los mercaderes mexicas, dice que: “iban acompañados los unos a los otros, iban todos juntos hasta el pueblo de Tochtepec. En este pueblo se dividían, unos iban a Anahuac Ayotlan (costa del pacífico), otros iban a Anáhuac Xicalanco (costa del golfo).

Xicalanco en Tabasco y Zinacantan en Chiapas eran dos importantes centros comerciales en donde los mexicas obtenían productos de la zona maya y a su vez dejaban los que ellos traían (Sahagún, Libro IX Cap. I, 1989, II:549-551). Hacia la frontera sureste, existían dos centros comerciales de gran importancia: Nito en Guatemala y Naco en Honduras. Hasta estos lugares llegaban los mercaderes de muchas partes y hasta de tan al norte como Yucatán, llevando mantas, miel y sal para cambiarlas por cacao. Cuando el comerciante lo era en gran escala, su posición social era bastante elevada. Sabemos que una de las más importantes rutas terrestres comerciales partía de Xicalanco y de la provincia de Acalan (al sur del actual estado de Campeche), cuya capital, Itzamkanak, era importante centro comercial. Atravesando la península de Yucatán, pasaba por Petén Itzá y llegaba hasta Nito y Naco, en Honduras. (Cardos de Méndez, 1959:58-59)

A través de los cronistas es que conocemos cómo eran las redes de comercio en la época de contacto. Es muy probable que durante el Epiclásico las rutas comerciales fueran similares. Para los investigadores Alfredo López Austin y Leonardo López Luján, en el lapso entre el descenso de Teotihuacan y el surgimiento de los centros urbanos destacados en el posclásico, hubo una intensificación del intercambio que dio lugar a complejos vínculos panmesoamericanos de capitales políticamente independientes, cosmopolitas, que compartían símbolos de élite y participaban como iguales en el intercambio internacional. En esta época, se produjo una de las transformaciones más impresionantes en el ámbito del intercambio.

El sistema monofocal teotihuacano cedió su lugar a una nueva estructuración mercantil que interconectaba numerosos centros productores y distribuidores. (López Austin y López Luján, 1999:15-19). Esta fue una consecuencia directa de los cambios políticos acontecidos en la época, mismos que propiciaron la movilización de amplios sectores demográficos: mientras que los agricultores no se desplazaron en grandes radios, los artesanos especializados requerían un mercado para sus productos, por lo que empezaron a buscar mecenazgos entre las élites de los nuevos centros urbanos. A partir de esta época proliferan los asentamientos multiétnicos. Dentro de los centros urbanos de la época, Chichén Itzá es sin lugar a dudas el que ha estado en el centro del debate, debido a sus paralelismos estilísticos con Tula, en el Altiplano central.

Tras el periodo de cambios desencadenado desde el Clásico terminal, en el norte de la península de Yucatán se empezó a fortalecer una red de comercio que marcó las relaciones entre el área maya y la costa del Caribe. Durante el Epiclásico, los *putun* o maya chontal (del náhuatl *chontalli*, extranjero) -pueblo de comerciantes fuertemente influenciados por sus vecinos hablantes de náhuatl-, construyeron un particular dinámica comercial dada su relación con esos grupos; asentados entre la parte sur de Campeche y el delta de los ríos Grijalva y Usumacinta. Fueron un grupo periférico a los grandes desarrollos del Clásico, sin embargo fueron sus actividades comerciales las que mantuvieron vigente la antigua relación de los principales centros mayas (Tikal, Kaminaljuyú, Copán) con el altiplano mexicano (Teotihuacan), teniendo como principal punto de confluencia a Xicalanco, puerto de transferencia ubicado en el ala oeste de la Laguna de Términos, donde había una colonia de filiación náhuatl. De ahí, se sucedían las rutas de intercambio hasta Cholollan (Thompson, 1970:3-8).

Los *putun* eran comerciantes marítimos y controlaban las costas de la península de Yucatán. En tierra, sus principales enclaves fueron Tenosique e Itzamkanac, en el sur de Campeche. En el delta del Grijalva, se encontraban desplegados una serie de grupos de habla náhuatl, mismos que si bien no podemos relacionar directamente con la expansión tolteca, sí podemos inferir que facilitó la llegada de esta influencia cultural.

La intensidad del intercambio comercial detentado por las costas yucatecas y el delta de los grandes afluentes, posibilitó la emergencia de un nuevo estilo arquitectónico e ideológico en Chichén Itzá a la llegada de los *itzaes*, una rama *putun* asentada en Cozumel y que entre el 850 y el 950 dC (cuando los *putun* controlaban el norte de Tabasco, el sur de Campeche. Bakhalal y Chetumal) ya se habían internado en las comunidades del centro de la península yucateca y controlaban la zona desde Chichén. En el siguiente apartado hablaremos de las particularidades de Chichén Itzá a partir del arribo de los *itzaes*.

A través de este panorama, podemos observar que durante el Clásico las relaciones entre el altiplano central mexicano y la península de Yucatán, residen fundamentalmente en el intercambio de bienes suntuarios y sólo se desplazan ciertos estamentos. Más aún, las relaciones entre las diversas ciudades del área maya, eran también de índole suntuaria, pues la mayoría de los asentamientos desarrollan una economía de autoconsumo. Si

bien en la región las comunicaciones son más fluidas debido a la red de *sacbeob* que en aquel entonces existía en las tierras bajas. En términos de flujo poblacional, esto significa que existe una tendencia a la homogeneización de la estructura de frecuencias haplotípicas en la población mayense con poca presencia de marcadores como el B, que están relacionados al altiplano central.

Sin embargo, tenemos una afinidad del coeficiente de heterocigocidad entre Chichén Itzá y Teotihuacan, esto tiene que ver con la preponderancia en Mesoamérica del haplogrupo A: sabemos que los grupos mayas conservan haplotipos A más antiguos que los presentes en otras poblaciones del país (v. González-Sobrino, 2016:155), lo que significa que no podemos plantear esta relación altiplano-maya en términos de relaciones “directas” (matrimonios, conquista, etc.) sino dimensionándola en una América precolombina con cuatro linajes mitocondriales claramente definidos donde el haplogrupo A es el de mayor representación. Tanto en el Altiplano como en el área maya hay una alta representación de haplogrupo A, lo que en  $F_{ST}$  se traduce como la inexistencia de distancia entre ambos grupos. En otro escenario, la distancia genética existente entre Chichén Itzá y Xcaret (0.0259) puede explicarse a través de los resultados de  $PHI_{ST}$ . (Fig. 10), donde vemos que hubo un primer momento donde Chichén Itzá era más cercano a la población zapoteca que a la de Xcaret. Esto puede tener relación con la referencia lingüística sobre la existencia de un macro-mayance que tenía afinidad con los grupos zapotecas hasta la intrusión de la cuña totonaca-zoqueana que dividió las lenguas huastecanas de las mayenses hacia el 1600 aC.

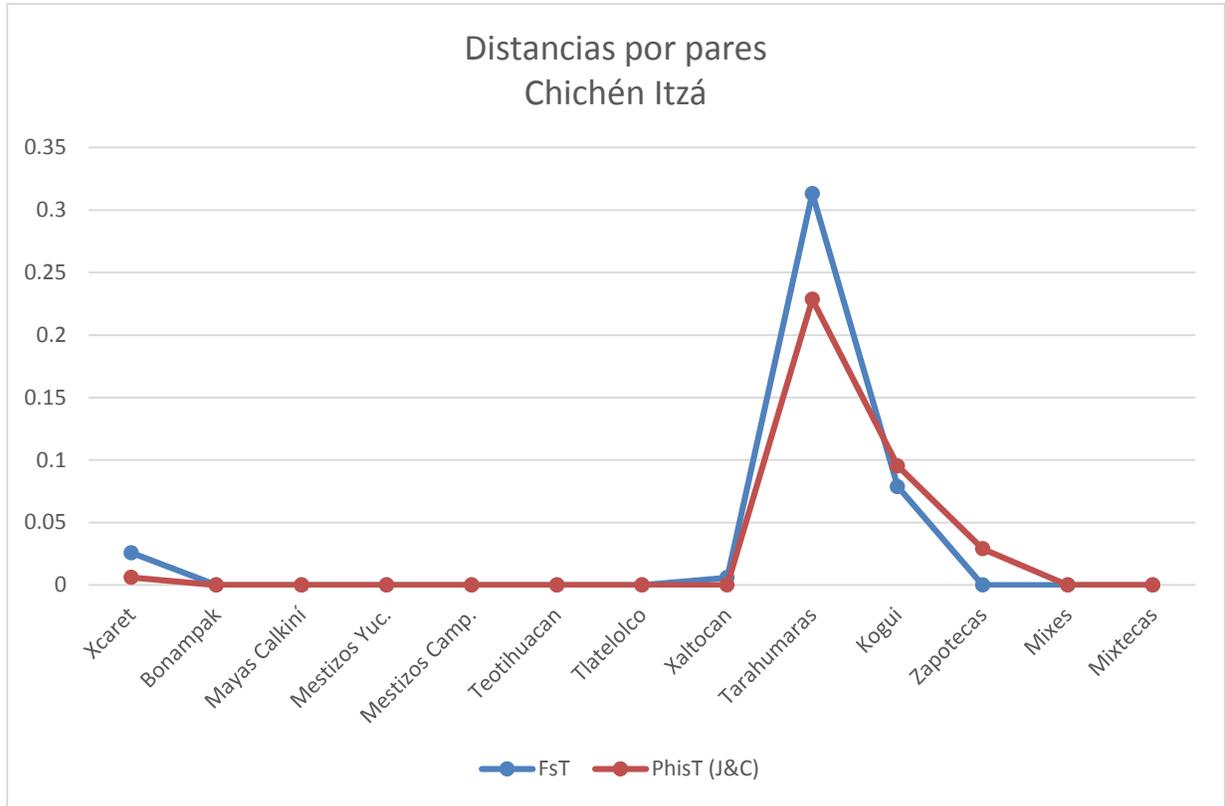
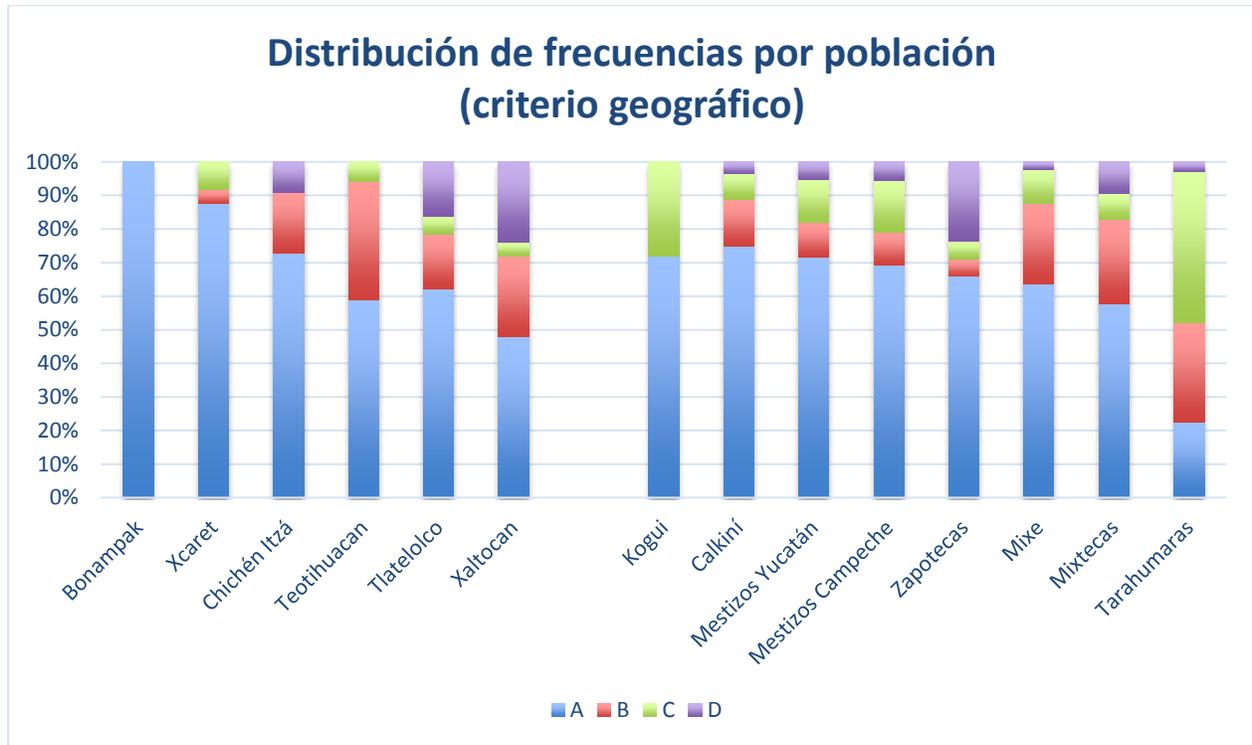


Figura 10. **Distancias por pares de Chichén Itzá (material del Chultún).** En la gráfica se muestra la distribución de los Estadísticos F. A través del estadístico  $\Phi I_{ST}$  (AMOVA) observamos diferencias en las afinidades ancestrales de los grupos mayas.

Hemos también visto que en el centro y sur de México la frecuencia haplotípica más alta corresponde a los haplogrupos A y B, seguidos de los marcadores C y D que son mucho más frecuentes en el norte (González-Sobrino, 2016:86-87). Como podemos ver en nuestro gráfico de frecuencias (Fig. 11) esta distribución se mantiene en nuestro universo de estudio. Por otra parte, hemos discutido ya en el capítulo 1 acerca de la intensidad del intercambio entre los pueblos que ocuparon el centro y sur del actual territorio mexicano, sin embargo, sabemos que el área maya tiene haplotipos del haplogrupo A mucho más antiguos que los presentes en otras poblaciones (González-Sobrino, 2016:154). Si bien en este estudio no abordamos un análisis de haplotipos sino solamente de haplogrupos, sí podemos ver cómo las muestras mayas antiguas y modernas conservan una distribución de frecuencias similar, diferenciándose de otras poblaciones indígenas donde también hay una alta representación del haplogrupo A.

Es el aumento en la frecuencia del haplogrupo B: las frecuencias de los linajes maternos se muestran similares en Teotihuacan y en Chichén Itzá y en nuestro análisis bioestadístico, se muestran cercanas. Sin embargo, es la estructura de esta variabilidad la que nos permite hablar de una entrada de grupos nuevos en Chichén Itzá a través del flujo observado por la presencia de una frecuencia mayor del haplogrupo B.



*Figura 11. Frecuencias haplotípicas del presente estudio (criterio geográfico). En la gráfica se muestra la distribución de los haplogrupos mitocondriales. El haplogrupo A es el predominante en poblaciones mayas. La distribución de las frecuencias permanece a lo largo del tiempo entre las poblaciones del sureste.*

Como advertimos en el gráfico, las estructuras genéticas entre Chichén Itzá y las poblaciones mayas de Calkiní, Campeche son muy similares, incluso con los mestizos de las zonas urbanas de Yucatán. Esto lo podemos explicar en razón de que estamos analizando linajes maternos americanos, los cuales pese a los descensos demográficos y los desplazamientos acontecidos a partir del siglo XVI, se mantuvieron siendo los

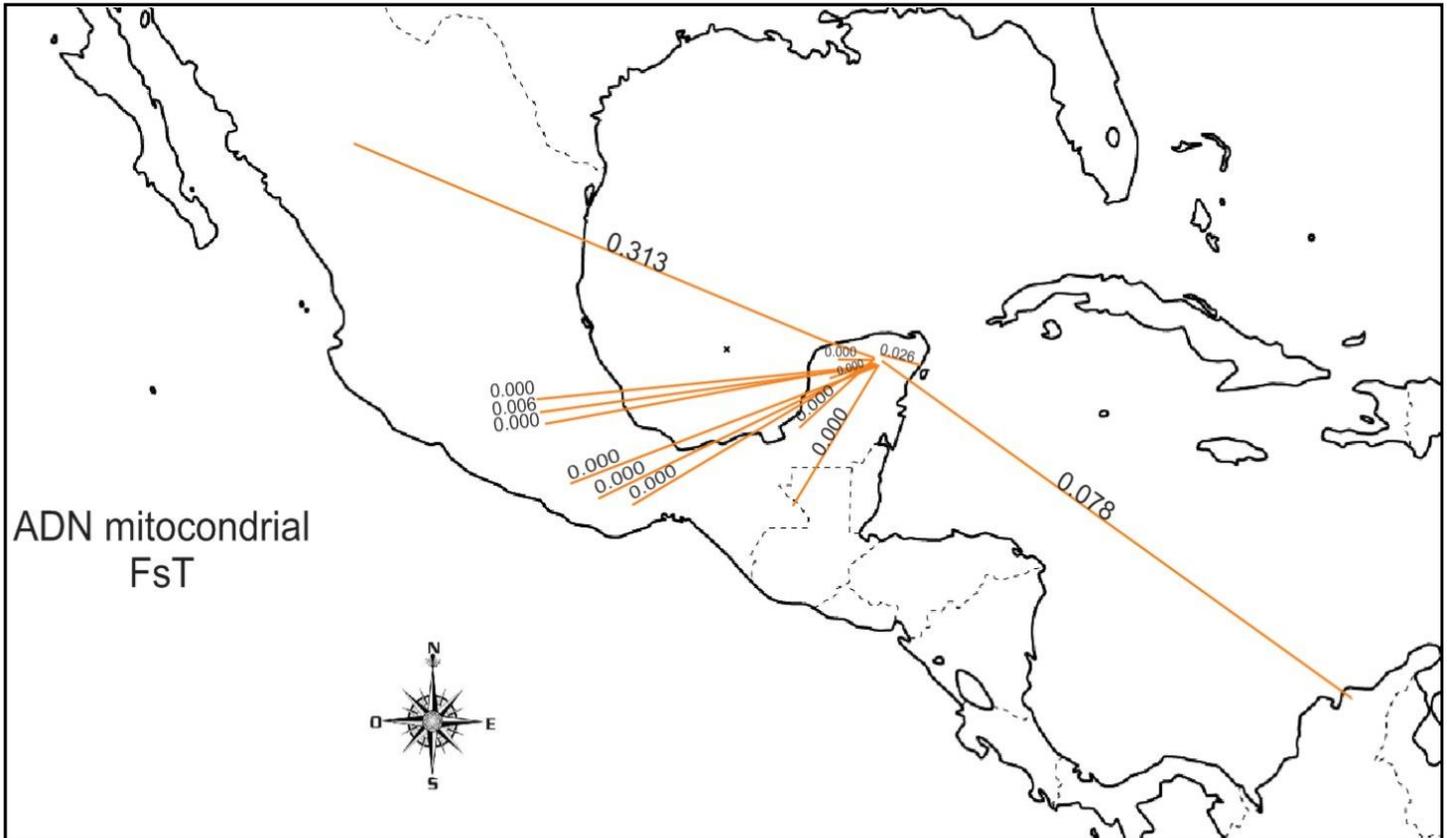
predominantes en la población mexicana pues la migración femenina europea fue muy poca durante el periodo colonial.

Ahora bien, en el análisis de distancias por pares, las frecuencias haplotípicas de Teotihuacan (fases Xolalpan y Mazapa) son muy próximas a las observadas por nosotros en el material del chultún. Recordemos que las estructuras genéticas observadas en las poblaciones indígenas de México están claramente divididas entre norte y sur: mientras en el norte hay una alta representación de C, en el sur el haplogrupo más frecuente es el A, de modo que las frecuencias subpoblacionales en la región mesoamericana serán cercanas al cero (Fig. 12). Por supuesto, para poder especificar la distancia existente entre las estructuras genéticas del norte de Yucatán y del Altiplano central mexicano, será importante avanzar hacia la identificación de haplotipos en la colecciones osteológicas, pues se han identificado haplotipos específicos de la región yucateca (*passim* González-Sobrino, 2016).

Los porcentajes de variación para  $F_{ST}$ ,  $PHI_{ST}$ , así como el *valor p* correspondientes al modelo generado, se muestran en el cuadro 6 y se discuten a continuación.

**Cuadro 6**

Porcentaje de variación $F_{ST}$		
	$F_{ST}$	$PHI_{ST}$
<b>Porcentaje de variación</b>		
Entre grupos	5.56	3.71
Entre poblaciones	4.03	4.96
Dentro de las poblaciones	90.41	91.32
<b>Índice de fijación</b>		
FSC	0.04264	0.05154
FST	0.09585	0.08677
FCT	0.05559	0.03714
<b>Valor P</b>	0.000	0.000



*Figura 12. Distancias por pares del presente estudio. Las estructuras genéticas de las poblaciones mayas son consistentes. Las estructuras genéticas entre poblaciones prehispánicas tienen un porcentaje de divergencia bajo.*

Evaluamos la distribución de las frecuencias haplotípicas de todas las muestras que empleamos para este estudio. Para poder ver el porcentaje de variación entre subpoblaciones en el área maya, decidimos agrupar todas las muestras pertenecientes a esta región. Decidimos incluir el grupo Kogui (quienes habitan en la costa norte de Colombia) dado que existen hipótesis sobre la migración de los mayas hacia centroamérica siguiendo la costa del Atlántico, sustentada principalmente en análisis de marcadores mitocondriales que muestran estar estrechamente relacionados con grupos

antillanos y centroamericanos en distancias genéticas que les colocan como ancestrales a los grupos centroamericanos en donde el haplogrupo C aumenta en proporción (Merriwether *et al*, 1997; Moreno-Estrada *et al*, 2013). No olvidemos también que las relaciones comerciales al menos desde el Clásico, tuvieron dos rutas principales, desde los altos de Chiapas hasta el petén guatemalteco, lo que nos habla de una movilidad constante de grupos humanos entre el sureste mexicano y centroamérica.

Por otra parte, la ruta de comercio del altiplano central tenía como punto de confluencia la región, de Champotón y Laguna de Términos y como hemos visto, desde finales del Clásico se dirigió mayoritariamente hacia el norte de Yucatán; no olvidemos también que desde el Clásico estaba vigente la ruta de comercio por la costa occidental hasta Nito, en Nicaragua.

Otro grupo lo constituimos con las muestras provenientes del altiplano central mexicano. Para ver aquellos que guardan relaciones de ancestría con los grupos altiplano y maya. Cabe señalar que evaluamos las frecuencias entre el altiplano y el norte de Yucatán con la finalidad de poner en perspectiva la distribución de las frecuencias entre las poblaciones antiguas y modernas del sureste.

**Cuadro 7**

<b>Estructura bioestadística del modelo</b>					
Grupo 1	Chichén Itzá	Grupo 3	Tarahumaras		
	Xcaret				
	Copán				
	Bonampak				
	Mayas Calkiní			Grupo 4	Kogui
	Mestizos Yucatán			Grupo 5	Zapotecas
	Mestizos Campeche				Mixes
Grupo 2	Teotihuacan	Grupo 5	Mixtecas		
	Tlatelolco				
	Xaltocan				

Conforme a la matriz de similitud que se muestra en el cuadro 8, encontramos una afinidad del grupo kogui con los grupos mayenses, aunque permanece en un clado separado en el dendrograma (Fig. 13).

**Cuadro 8**

Chichen Itzá	FsT	PhisT (J&C)
Xcaret	0.0259	0.00611
Bonampak	0	0
Mayas Calkiní	0	0
Mestizos Yuc.	0	0
Mestizos		
Camp.	0	0
Teotihuacan	0	0
Tlatelolco	0	0
Xaltocan	0.00591	0
Tarahumaras	0.31323	0.22863
Kogui	0.07876	0.09528
Zapotecas	0	0.02903
Mixes	0	0
Mixtecas	0	0

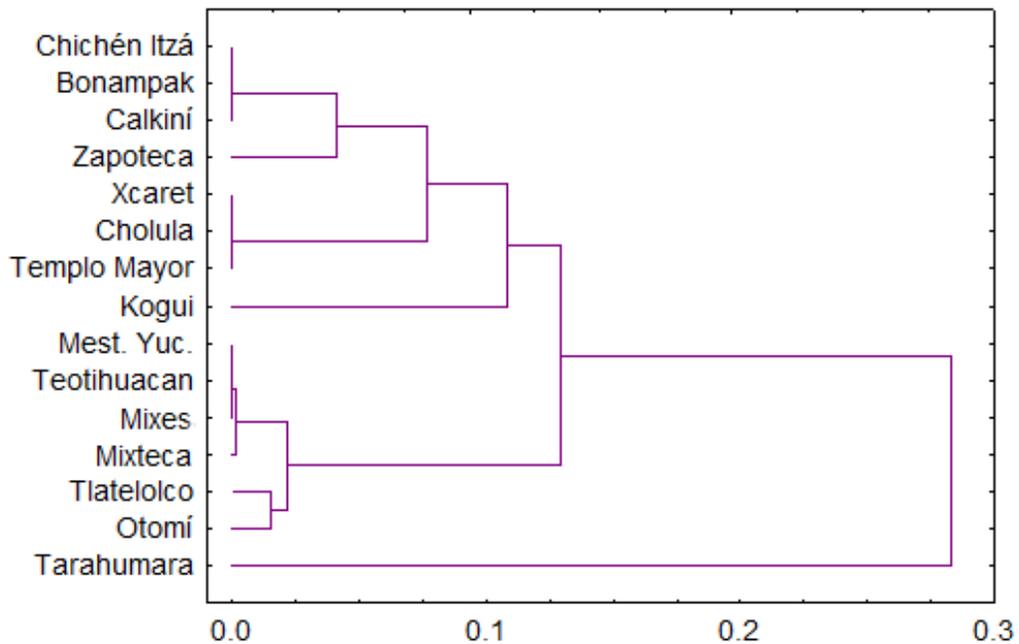


Figura 13. **Dendrograma del modelo.** Realizado con el total del corpus de datos empleado en el análisis bioestadístico.

Los valores de  $p$  nos orientan a la posibilidad ya abierta en este sentido por otros grupos de investigación: las relaciones del área maya con poblaciones centroamericanas ha sido intensa, como se muestra en el análisis de componentes principales que se incluye (Figura 14), donde vemos cómo en la intersección de los dos componentes se agrupan al grupo kogui con las poblaciones mayas contemporáneas. Formando parte del grupo aunque a una distancia mayor, están los grupos localizados en la región oaxaqueña. La presencia de Teotihuacan nos remite su condición de principal centro urbano del Clásico, es decir, una sociedad profundamente cosmopolita. Por su parte, Tarahumara, dado que es el grupo externo, se aleja considerablemente.

Respecto al segundo grupo conformado por Teotihuacan, Tlatelolco y Xaltocan, podemos atribuirlo a la poca variabilidad observada en estas colecciones, razón por la cual, consideramos importante el análisis de secuencias de ADN, de modo que podamos discernir con mayor exactitud entre poblaciones prehispánicas. Teotihuacan si tiene variación pero su  $n$  no es grande, más bien puedes hacer esta aclaración, esto porque el  $N^{\circ}$  de modernos le rebasa por mucho

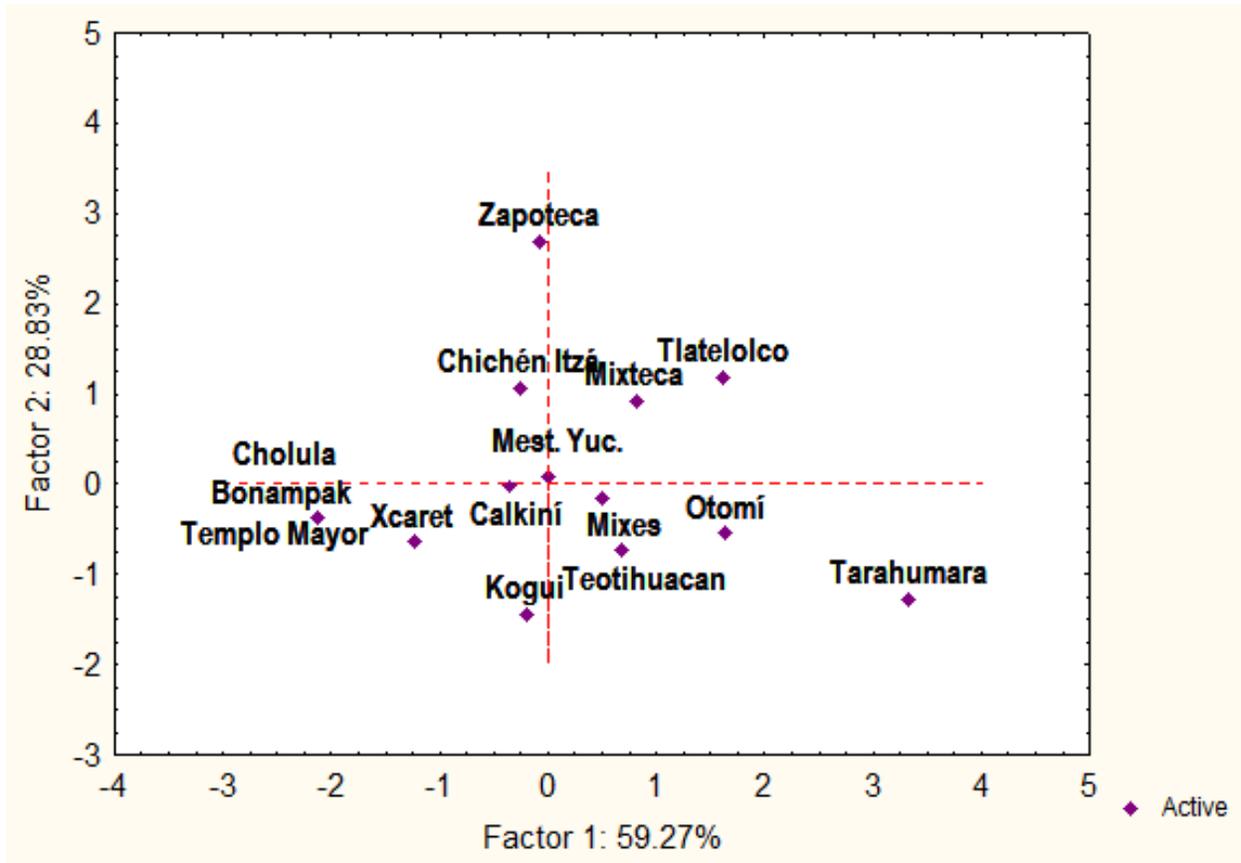


Figura 14. **Análisis de componentes principales.** Del corpus de datos empleado en el análisis bioestadístico.

Contrariamente a la creencia popular, las civilizaciones mayas nunca "desaparecieron". Millones de sus descendientes aún viven en la región y muchos de ellos hablan alguno de los idiomas de la familia mayense (Farre, 1984). Lo que sí desapareció fue el esplendor de la civilización maya siglos antes de la llegada de los primeros españoles. La Conquista española se consumó en 1696 con la toma de Tayasal, capital de los mayas Itzá y Zacpetén, capital de los Maya Ko'woj en el Petén, actual Guatemala (v. Villagutierre Soto-Mayor, 1984). A pesar de esto, el sistema de organización social permaneció prácticamente sin cambios significativos: debido a su larga historia de guerras y alianzas entre ciudades-Estado, la respuesta maya a la conquista fue la adaptación y no una desintegración total.

Más aún, existió una ventaja demográfica pues la inmigración española en Yucatán fue reducida y el clero dejó gran parte de las responsabilidades de administración en

manos de las élites mayas. Los mayas podían circular con facilidad en una estructura social corporativa que existía desde tiempos prehispánicos (Farriss, 2012:20-26). Posteriormente, otros pueblos contemporáneos fueron incluidos en el concepto *mayas* cuando el término fue utilizado para nombrar la familia lingüística a la que pertenece el yucateco maya. Otto Stoll aparentemente fue el primer etnógrafo que identificó la mayoría de los cerca de 30 idiomas que actualmente se reconocen como ramas del tronco lingüístico mayense (Schackt, 2002).

A lo largo de la mayor parte de la época colonial, la ubicación de Yucatán en la periferia del imperio español mantuvo para los mayas un grado de aislamiento y autonomía que los mexicas y otros grupos del centro político y económico de la Nueva España habían perdido. La conquista de Yucatán fue un asunto de larga duración. La guerra prolongada causó una gran devastación material, pero al mismo tiempo representó un corte menos abrupto con el pasado. Incluso para grandes zonas de Yucatán es difícil definir exactamente cuándo terminó la conquista y comenzó el régimen colonial.

Los mayas no tenían una estructura imperial dominante que pudiese ser derrocada con un certero golpe al centro: Yucatán estaba dividido en por lo menos 16 provincias autónomas con distinto grado de unidad interna. Había que negociar con cada una de ellas y a veces con sus subdivisiones. En algunos momentos debió haber parecido que realmente no valía la pena conquistar Yucatán. El desencanto ante la ausencia de oro diezmó las huestes de Montejo. El territorio irregular, de densa breña, resultaba difícil para los caballos y poco apropiado para las batallas campales. Por lo general se considera de Yucatán terminó con el sofocamiento de la Gran Rebelión, en 1547, un levantamiento en gran escala de los mayas de todas las regiones centrales y orientales. El control de los españoles sobre la península ya no volvería a enfrentar un desafío serio, pero quedó incompleto y lo seguiría estando a lo largo de la época colonial. Durante el primer siglo y medio a partir del establecimiento de la colonia, los españoles incluso perdieron terreno y se replegaron en territorios que en el papel aparecían como suyos, pero para cuyo control les faltaban medios e incentivos (*passim*, Bartolomé, 1992; Farriss, 2012).

Los colonizadores se habían asentado en el norponiente, donde los indios eran menos numerosos y el clima seco resultaba más clemente para los europeos. La influencia

española se mantuvo concentrada en esta región debido a la misma combinación de factores. Las selvas tropicales de la Montaña y el Petén ya habían sufrido una severa pérdida demográfica mucho antes de la llegada de los conquistadores. El despoblamiento de las provincias costeras orientales y suroccidentales fue, sin quererlo, obra suya (Farriss, 2012:29-36). El clima y la ubicación estratégica que habían sido las bases de su prosperidad, contribuyeron a su decadencia. El clima húmedo producía buenos rendimientos de las cosechas pero también resultó favorable para la propagación de muchas de las enfermedades europeas introducidas por los españoles y los africanos. Más aún, al dar cuenta de los cambios acontecidos en la vida indígena a raíz de la conquista, es difícil separar el colapso biológico padecido por las sociedades nativas, del impacto europeo en su totalidad.

Tras la instauración plena del régimen hispano alrededor de 1546, la gente fue forzada a abandonar sus pueblos y a reubicarse en las ciudades españolas, donde –a diferencia del altiplano central, donde el mestizaje fue una práctica generalizada- se buscaba mantener a los grupos raciales sin posibilidades de mezcla. Otros fueron aislados en lo que se conocía como repúblicas indias, donde los caciques mayas, gobernaban bajo el control español (Daltabruit Godás, 1992:46-47). Estas embestidas motivaron al conflicto estructural entre mayas y españoles, siendo frecuentes las fugas de mayas hacia los montes y selvas orientales para huir del esclavismo hispano. Estas fugas, aunadas a la merma demográfica sufrida por los nativos como consecuencia de las epidemias, llegaron a producir sensibles disminuciones en las reservas de mano de obra colonial. Más aún, durante el periodo del colonialismo, la estrategia de dominación no se orientó a la destrucción de la cultura nativa. Por el contrario, buscaba una economía de mercado integrada, donde la asimilación de los mayas a una cultura homogénea no era tan importante como la exacción hacia la libre circulación mercantil (Bartolomé, 1992:106-107).

La ruptura de la comunalidad originaria, además de la apropiación de los cuerpos de las mujeres indígenas como una forma más de los mecanismos de dominación y exterminio del orden social maya, tuvieron una incidencia directa sobre la composición poblacional: surge un sector social desarraigado tanto de las raíces culturales hispanas como de las regionales. En términos biológicos, este grupo hereda caracteres genéticos

de ambos grupos; respecto al ADN mitocondrial, que es de segregación matrilineal en bloque, no presentan cambio alguno en cuanto a las poblaciones presentes en la herencia genética, sin embargo es muy probable que los cambios se hayan dado en la frecuencia de la variabilidad haplotípica, pues la administración colonial desmembró las unidades político territoriales prehispánicas, debilitando las posibilidad de cohesión no sólo entre regiones, sino también entre pueblos.

Dadas las características del periodo, reconstruir los acontecimientos en el lapso del Posclásico y época de contacto desde la antropología genética, implica el uso de información histórica, arqueológica, así como la biológica. Como hemos visto, en los albores del régimen novohispano en el área maya, hubo una tendencia al aislamiento poblacional para las comunidades que no querían someterse al sistema económico colonial, pero también, fueron introducidos nuevos marcadores poblacionales. Si bien la huella de éstos está preponderantemente en el ADN nuclear y en el cromosoma y, las frecuencias de los haplotipos mitocondriales en las poblaciones yucatecanas actuales no son idénticas a las mostradas en poblaciones antiguas, sin embargo, esto deberá ser corroborado a través de estudios de afinidad biológica entre segmentos de ADN mitocondrial recuperados mediante secuenciación.

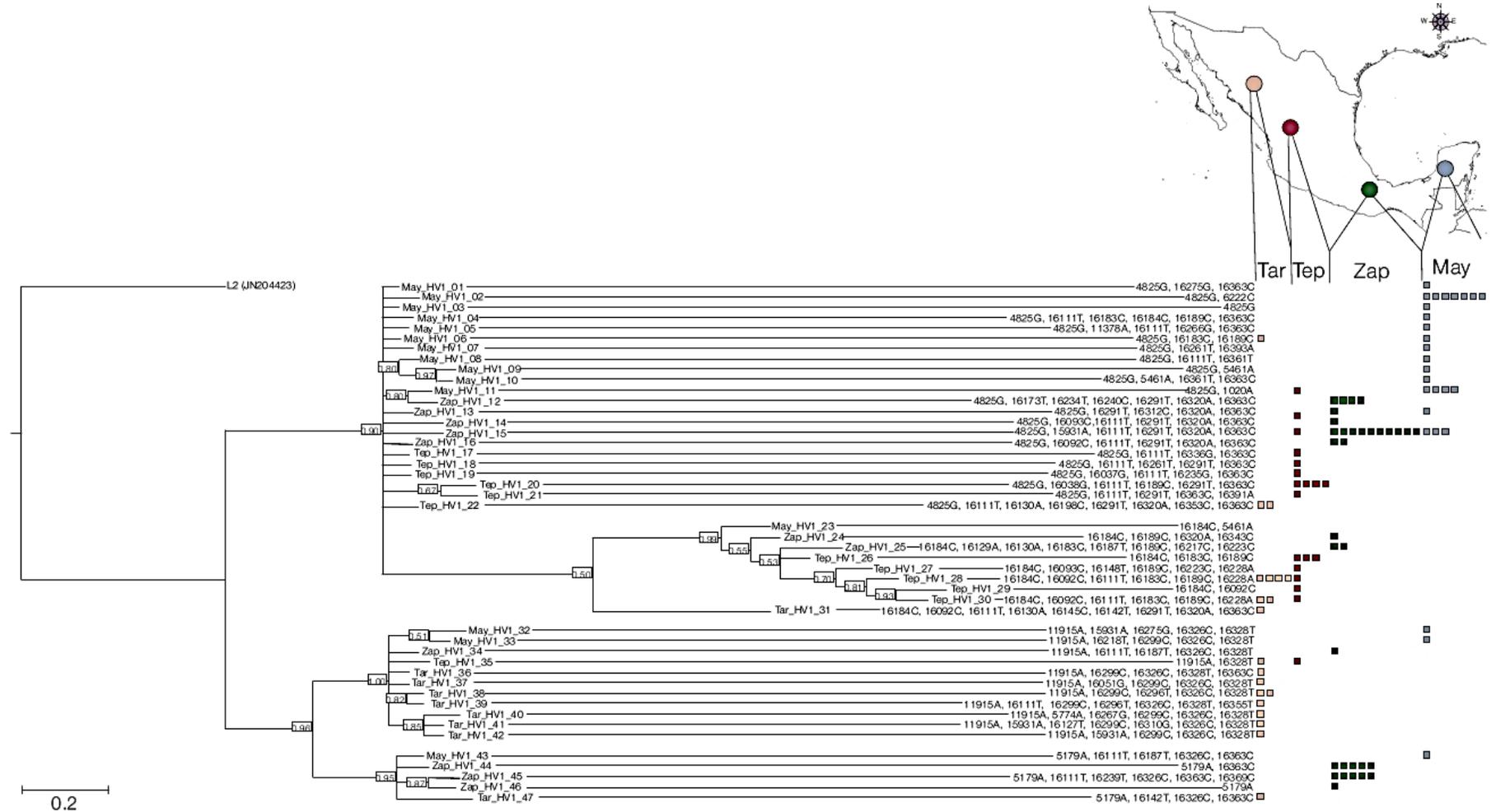


Figura 14. **La variabilidad del haplogrupo A ente los mayas.** Observamos en la sección vertical de los cuadros, la presencia de haplotipos y en la sección horizoemás ntal, la frecuencia de los mismos. Dado que se presenta una alta variabilidad haplotípica bien representada, los mayas presentan los linajes de A más antiguos. Esto explica la conservación de la estructura genética de la península identificada a través de nuestro estudio de RFLPs (Tomado de González-Sobrinó, 2016)

Por ejemplo, respecto del haplogrupo A, vemos en el trabajo de González Sobrino (2016:154), los haplotipos están altamente representados y se muestran muy variables, lo que significa que son muy antiguos. Esta alta representatividad cuya presencia en el área data desde tiempos tempranos, hace imperceptibles las diferencias entre las estructuras genéticas maya contemporánea y antigua tal como las hemos representado aquí, a través de un análisis de RFLPs

Para continuar abundando en el estudio de la historia biológica de las poblaciones prehispánicas, es necesario contar con nuevas herramientas analíticas, como el uso de marcadores hipervariables o incluso de otras estructuras genéticas que han sido descartadas para el estudio de ADN antiguo. Consideramos que esto es ahora viable pues en los proyectos de investigación en antropología genética del Instituto de Investigaciones Antropológicas, se está trabajando en la identificación de la variabilidad poblacional presente en el actual territorio mexicano, tanto contemporáneas como de muestras prehispánicas. Esto posibilita seguir avanzando en el conocimiento de los cambios y permanencias de las estructuras genéticas de los grupos mayas. El presente estudio, contribuye a el conocimiento de las estructuras poblacionales prehispánicas, toda vez que no se trata de una proyección en retrospectiva a través de un ejercicio estadístico realizado con muestras contemporáneas, sino que a través de datos antiguos que se está haciendo un análisis de la variabilidad poblacional existente en el Posclásico.

## Figuras

Figura 1. <b>Ubicación general del depósito.</b> En 1967 se encontraron restos de una estructura. El hallazgo aconteció durante los trabajos de ampliación de la pista de aterrizaje. (Tomado de Del Castillo Chávez y González-Sobrino, 2016).....	6
Figura 2. <b>Corte Norte-Sur del Chultún.</b> En el interior de la estructura, una oquedad similar a un chultún contenía más de cien esqueletos de infantes. (Tomado de Márquez y Schmidt, 1984).....	7
Figura 3. <b>Frecuencias haplotípicas del presente estudio (criterio diacrónico).</b> En la gráfica se muestra la distribución de los haplogrupos mitocondriales. El haplogrupo A es el predominante en poblaciones mayas. Vemos cómo el haplogrupo B empieza adquirir presencia a partir del Clásico Terminal. Entre las poblaciones centroamericanas y caribeñas casi no hay presencia de este haplogrupo. ....	12
Figura 4. <b>Ubicación geográfica.</b> Los mayas ocuparon un vasto territorio compuesto por organizaciones regionales identificadas arqueológicamente por la arquitectura y por el entorno medioambiental (Imagen: modificado de Gendrop, 1997) .....	19
Figura 5. <b>El ADN mitocondrial.</b> Arreglo genómico específico ubicado en cada una de las mitocondrias (Tomado de Merchant Larios, 2005).....	47
Figura 6. <b>Localización de los polimorfismos diagnósticos de los haplogrupos americanos.</b> En México existe una predominancia del haplogrupo A, seguido del B. Los haplogrupos C y D son poco frecuentes.....	51
Figura 7. <b>Restricción con HAE III y delección de 9 pb.</b> La enzima detecta el polimorfismo del haplogrupo A. La delección es característica del haplogrupo B (Foto: Diana B. Ríos).....	71
Figura 8. <b>Restricción con HINC II y ALU I.</b> La primera enzima digiere el polimorfismo del haplogrupo C y la segunda no digiere si la muestra es haplogrupo D (Foto: Diana B. Ríos).....	72
Figura 9. <b>Distribución de frecuencias por haplogrupo.</b> Puede observarse la homogeneidad de la población mexicana.....	76
Figura 10. <b>Distancias por pares de Chichén Itzá (material del Chultún).</b> En la gráfica se muestra la distribución de los Estadísticos F. A través del estadístico $\Phi_{ST}$ (AMOVA) observamos diferencias en las afinidades ancestrales de los grupos mayas.....	87
Figura 11. <b>Frecuencias haplotípicas del presente estudio (criterio geográfico).</b> En la gráfica se muestra la distribución de los haplogrupos mitocondriales. El haplogrupo A es el predominante en poblaciones mayas. La distribución de las frecuencias permanece a lo largo del tiempo entre las poblaciones del sureste. ....	88
Figura 12. <b>Distancias por pares del presente estudio.</b> Las estructuras genéticas de las poblaciones mayas son consistentes. Las estructuras genéticas entre poblaciones prehispánicas tienen un porcentaje de divergencia bajo. ....	90
Figura 13. <b>Dendrograma del modelo.</b> Realizado con el total del corpus de datos empleado en el análisis bioestadístico.....	92
Figura 14. <b>Análisis de componentes principales.</b> Del corpus de datos empleado en el análisis bioestadístico.....	94
Figura 14. <b>La variabilidad del haplogrupo A ente los mayas.</b> Observamos en la sección vertical de los cuadros, la presencia de haplotipos y en la sección horizontal, la frecuencia de los mismos. Dado que se presenta una alta variabilidad haplotípica bien representada, los mayas presentan los linajes de A más antiguos. Esto explica la conservación de la estructura genética de la península identificada a través de nuestro estudio de RFLPs (Tomado de González-Sobrino, 2016).....	98



## Bibliografía

- Achilli, Alessandro, Ugo A. Perego, Claudio M. Bravi *et al*  
2008 The Phylogeny of the Four Pan-American MtDNA Haplogroups: Implications for Evolutionary and Disease Studies  
*PLoS One* 3(3):e1764.
- Aguirre Samudio, Ana Julia, Blanca Z. González Sobrino, Lilia Solís Arrieta *et al*  
2011 "Estandarización de metodologías de ADN antiguo y sus aportaciones al estudio biocultural de poblaciones prehispánicas", *Anales de Antropología* 45:33-50.
- Aguirre Samudio, Ana Julia, Blanca Zoila González-Sobrino, Brenda A. Álvarez-Sandoval *et al*  
2016 "Genetic History of the Classic Period of Teotihuacan's Burials in Central México", *Revista Argentina de Antropología Biológica*.
- Anderson, S. y A. T. Bankier  
1981 "Sequence and Organization of the Human Mitochondrial Genome", *Nature* 290(5806):457-465.
- Ardren, Traci  
2006 "Setting the Table. Why Children and Childhood Are Important in an Understanding of Ancient Mesoamerica", en *The Social Experience of Childhood in Ancient Mesoamerica*, Traci Ardren y Scott R. Hudson (eds.), Boulder, University of Colorado, pp. 3-22.
- Arnauld, Marie-Charlotte y Dominique Michelet  
1991 "Les migrations postclásiques au Michoacán et au Guatemala. Problèmes et perspectives", en *Vingt Etudes sur le Mexique et le Guatemala réunies à la mémoire de Nicole Percheron*, Alain Breton, Jean-Pierre Berthe y Sylvie Lecoïn (eds.), Toulouse, Presses Universitaires du Mirail, pp. 67-92.
- Arnheim, Norman y Henry Erlich  
1992 "Polymerase Chain Reaction Strategy", *Annual Review of Biochemistry* 61:131-156.
- Barbadilla, Antonio  
1999 La genética de poblaciones. vol. 2016.
- Bartolomé, Miguel Alberto  
1992 *La dinámica social de los mayas de Yucatán. Pasado y presente de la situación colonial*, México, INI, Conaculta [Presencias 61].
- Bastarrachea Manzano, J. R.  
1994 *Mayas de la península de Yucatán*, México, INI, SEDESOL.

Baxter, Jane Eva

2005 *Archaeology of Childhood. Children, Gender and Material Culture*, Altamira, Altamira Press.

Becker, Kimberly

1996 *The Olmec Were-jaguar in Transformation: An Examination of the Image of the Jaguar in Olmec Art and Culture*. tesis en Antropología, Long Beach, California State University.

Benavides Castillo, Antonio

2001a "El sur y el centro de la zona maya en el Clásico", en *Historia Antigua de México. Vol. II: El horizonte Clásico*, Linda Manzanilla y Leonardo López Luján (coords.), México, INAH/ IIA-UNAM/ Miguel Ángel Porrúa Librero-Editor, pp. 79-118.

Benavides Castillo, Antonio

2001b "El norte de la zona maya en el Clásico", en *Historia Antigua de México. Vol. II: El horizonte Clásico*, Linda Manzanilla y Leonardo López Luján (coords.), México, INAH/ IIA-UNAM/ Miguel Ángel Porrúa Librero-Editor, pp. 119-160.

Bessetti, Joseph

2007 "An Introduction to PCR inhibitors", *Profiles in DNA* 10(1):9-10.

Binford, Lewis R.

1964 "A Consideration of Archaeological Research Design", *American Antiquity* 29(4):425-441.

Binford, Lewis R.

1988 *En busca del pasado*, Barcelona, Editorial Crítica.

Bolívar Zapata, Francisco

2001 *Obra científica IV. La Genética Moderna: fundamentos y horizontes*, 2a ed, México, El Colegio Nacional.

Brito Benítez, Eva Leticia

1999 *El deterioro de restos óseos humanos y su relación con el tiempo de enterramiento*, México, INAH [Colección Científica 399].

Broda, Johanna

2003 "La ritualidad mesoamericana y los procesos de sincretismo y reelaboración simbólica después de la conquista", *Graffylia* (2):14-27.

Brown, Terence A. y Keri A. Brown

1992 "Ancient DNA and the Archaeologist", *Antiquity* 66(250):10-23.

Brown, Terence A. y Keri Brown

2011 *Biomolecular Archeology. An Introduction*, Oxford, Wiley-Blackwell.

Brown, W. M.

1980 "Polymorphism in Mitochondrial DNA of Humans as Revealed by Restriction Endonuclease Analysis", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 77(6):3605-3609.

Bustos Ríos, Diana

2012 *Arqueología y genética. Estudio biomolecular de material óseo procedente del recinto sagrado de Tenochtitlan*. Tesis de Licenciatura en Arqueología, México, ENAH.

Cann, Rebecca L., Mark Stoneking y Allan C. Wilson

1987 "Mitochondrial DNA and human evolution", *Nature* 325(6099):31-36.

Cardos de Méndez, Amalia

1959 "El comercio de los mayas antiguos", *Acta Anthropologica* II(1).

Castañeda, Quetzil E.

1996 *In the Museum of Maya Culture*, Minneapolis, University Minnesota Press.

Castillo Cobián, Amanda

2007 "La selección natural a nivel molecular", en *Ecología molecular*, Luis E. Eguiarte, Valeria Souza y Aguirre Xitlali (comps.), México, Semarnat, INE, UNAM, Conabio, pp. 11-48.

Cavalli-Sforza, Luca L., Paolo Menozzi y Alberto Piazza

1994 *"The History and Geography of Human Genes"*, New Jersey, Princeton University Press.

Clark, John E., Richard D. Hansé y Tomás Pérez Suárez

2000 "La zona maya en el Preclásico", en *Historia Antigua de México. Volumen I: El México antiguo, sus áreas culturales, los orígenes y el horizonte Preclásico*, Linda Manzanilla y Leonardo López Luján (coords.), 2da ed, México, INAH, IIA-UNAM, Miguel Ángel Porrúa Librero-Editor, pp. 437-510.

Cobos, Rafael

2003 "Prácticas funerarias en las tierras bajas mayas del norte", en *Antropología de la eternidad: la muerte en la cultura maya*, Andrés Ciudad Ruiz, Mario Humberto Ruz Sosa y Ma. Josefa Iglesias Ponce de León (eds.), Publicaciones de la C.E.E.M núm. 7, Madrid, Sociedad Española de Estudios Mayas, Centro de Estudios Mayas, IIF-UNAM, pp. 35-48.

Colson, Isabelle B., Jillian F. Bailey y et al

1997 "The Preservation of Ancient DNA and Bone Diagenesis", *Ancient Biomolecules* 1(2):109-117.

Collins, M. J., C. M. Nielsen–Marsh, J. Hiller *et al*

2002 "The survival of organic matter in bone: a review", *Archaeometry* 44(3):383-394.

Cooper, Alan y Hendrik Poinar

2000 "Ancient DNA: Do It Right or Not at All", *Science* 289:1139.

Daltabruit Godás, Magalí

1992 *Mujeres mayas. Trabajo, nutrición y fecundidad*, México, IIA-UNAM.

Del Castillo Chávez, Oana y Blanca Zoila González-Sobrino

2016 "Rituales K'ex en el Clásico Terminal: ofrendas de niños en Chichén Itzá y Mayapán". In *X Congreso de mayistas*, Izamal, Yucatán.

Del Castillo Chávez, Oana y Patricia Hernández Espinoza

en prensa "Análisis osteológico de una colección de infantes en Chichén Itzá".

Del Castillo Chávez, Oana y Eduardo Williams

en prensa "Rituales K'ex en el Clásico Terminal: ofrendas de niños en Chichén Itzá y Mayapán", en *Symbolic Archaeology*, Colorado, Colorado University Press

Eliade, Mircea

1972 *Tratado de historia de las religiones*, Tomás Segovia (trad.), México, Ediciones Era [título original *Traité d'Histoire des religions*].

Excoffier, Laurent, Guillaume Laval y Stefan Schneider

2005 "Arlequin ver. 3.0. An integrated software package for population genetics data analysis", *Evolutionary Bioinformatics Online* 1:47-50.

Farre, H.

1984 *Cambios y continuidad entre los mayas de México: contribución al estudio de la situación colonial en América Latina*, 2da ed, México, INI, SEP.

Farriss, Nancy

2012 *La sociedad maya bajo el dominio colonial*, María Palomar (trad.), México, Conaculta.

Fernández Domínguez, Eva, Pérez-Pérez A., D. Turbón *et al*

2003 "ADN antiguo: química y aplicaciones", *Anales de la Real Sociedad Española de Química* 99(3):27-37.

Gallenkamp, Charles

1997 *Los mayas. El misterio y redescubrimiento de una civilización perdida*, 11a ed, México, Editorial Diana.

Gándara Vázquez, Manuel

1982 "La vieja 'nueva arqueología'", en *Teorías métodos y técnicas en arqueología*, Luis Felipe Bate, Manuel Gándara V., Eduardo Matos y Julio Montané, México, IPGH, pp. 59-92.

Geigl, E. M.

2002 "On the circumstances surrounding the preservation and analysis of very old DNA", *Archaeometry* 44(3):337-342.

Gilbert, M. Thomas P. , Lars Rudbeck, Eske Willerslev *et al*

2005 "Biochemical and physical correlates of DNA contamination in archaeological human bones and teeth excavated at Matera, Italy", *Journal of Archaeological Science* 32(5):785-793.

González-Oliver, Angélica, Lourdes Márquez-Morfín, José C. Jiménez *et al*

2001 "Founding Amerindian Mitochondrial DNA Lineages in Ancient Maya From Xcaret, Quintana Roo", *American Journal of Physical Anthropology* 116:230–235.

González-Sobrino, Blanca

2016 *México. Entre ajeteos históricos y enredos genéticos*, México, IIA-UNAM.

González-Sobrino, Blanca, Ana P. Pintado-Cortina, Leticia Sebastián-Medina *et al*

2016 "Genetic Diversity and Differentiation in Urban and Indigenous Populations of Mexico: Patterns of Mitochondrial DNA and Y-Chromosome Lineages", *Biodemography and Social Biology* 62(1):53-72.

González Sobrino, Blanca

2010 "Algunos aspectos teóricos sobre el sistema sacrificial mesoamericano", en *Los niños: actores sociales ignorados. Levantando el velo, una mirada al pasado*, Lourdes Márquez Morfín (coord.), México, ENAH-INAH, Conaculta, PROMEP-SEP, pp. 213-232.

Hedges, R. E. M.

2002 "Bone diagenesis: an overview of processes", *Archaeometry* 44(3):319-328.

Hendon, Julia A.

2003 "El papel de los enterramientos en la construcción y negociación de la identidad social en los mayas prehispánicos", en *Antropología de la eternidad: la muerte en la cultura maya*, Andrés Ciudad Ruiz, Mario Humberto Ruz Sosa y Ma. Josefa Iglesias Ponce de León (eds.), Publicaciones de la C.E.E.M núm. 7, Madrid, Sociedad Española de Estudios Mayas, Centro de Estudios Mayas, IIF-UNAM, pp. 161-174.

Hernández Espinoza, Patricia y Lourdes Márquez Morfín

2006 "Fecundidad y sobrevivencia: perfil paleodemográfico de la población maya prehispánica de Chac Mool, Quintana Roo", en *La población maya de Chac Mool. Análisis biocultural y dinámica demográfica en el Clásico Terminal y el Posclásico*, Lourdes Márquez Morfín, Patricia O. Hernández Espinoza y Ernesto González Licón (coords.), México, ENAH, pp. 4-34.

- Horai, Satoshi, Rumi Kondo, Yuko Nakagawa-Hattori *et al*  
1993 "Peopling of the Americas, Founded by Four Major Lineages of Mitochondrial DNA", *Molecular Biology and Evolution* 10(1):23-47.
- Iglesias Ponce de León, Ma. Josefa y Andrés Ciudad Ruiz  
2001 "Las tierras altas de la zona maya en el Posclásico", en *Historia Antigua de México. Vol. III: El horizonte posclásico*, Linda Manzanilla y Leonardo (coords.) López Luján, 2da ed, México, INAH/ IIA-UNAM/ Miguel Ángel Porrúa, Librero-Editor, pp. 93-126.
- Ingman, M. y U. Gyllensten  
2001 "Analysis of the Complete Human mtDNA Genome: Methodology and Inferences for Human Evolution", *The Journal of Heredity* 92(6):454-461.
- Johnson, Matthew  
2000 *Teoría arqueológica. Una introducción*, Barcelona, Editorial Ariel. [título original Archaeological theory. An introduction].
- Jones, Lindsay  
1995 *Twin City Tales: A Hermeneutical Reassessment Tula and Chichén Itzá*, Niwot, University of Colorado.
- Jukes, T. H. y C.R. Cantor  
1969 *Evolution of Protein Molecules*, New York, Academic Press.
- Kemp, B. M., A. Reséndez, J. A. Román-Berrelleza *et al*  
2005 "An analysis of ancient Aztec mtDNA from Tlatelolco: pre-Columbian relations and the spread of Uto-Aztecan", en *Biomolecular Archaeology: Genetic Approaches to the Past*, D. M. Reed (ed.), Carbondale, Center for Archaeological Investigations of Southern Illinois University at Carbondale, pp. 22–46.
- Kemp, Brian M., Angélica González-Oliver, Ripan S. Malhi *et al*  
2010 "Evaluating the Farming/Language Dispersal Hypothesis with Genetic Variation Exhibited by Populations in the Southwest and Mesoamerica", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 107(15):6759–6764.
- Kimura, M.  
1968 "Genetic Variability Maintained in a Finite Population Due to Mutational Production of Neutral and Nearly Neutral Isoalleles", *Genetics Research* (11):247-269.
- Krings, Matthias, A. Stone, Ralph W. Schmitz *et al*  
1997 "Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans", *Cell* (90):19–30.

López Armenta, Mauro

2007 *Estudio de la estructura genética de la población prehispánica maya del sureste de México mediante el análisis de DNA Mitocondrial*, México, Maestría en Ciencias Genómicas, Posgrado en Ciencias Genómicas UACM.

López Austin, Alfredo

1996 *Cuerpo humano e Ideología. Las concepciones de los antiguos nahuas*, 2 tomos, 3a ed, México, IIA-UNAM.

López Austin, Alfredo y Leonardo López Luján

1999 *Mito y realidad de Zuyuá. Serpiente Emplumada y las transformaciones mesoamericanas del Clásico al Posclásico*, México, El Colegio de México-Fideicomiso Historia de las Américas, Fondo de Cultura Económica.

López Austin, Alfredo y Leonardo López Luján

2009 *Monte sagrado-Templo mayor. El cerro y la pirámide en la tradición religiosa mesoamericana*, México, IIA-UNAM/ INAH.

Lorenz, Joseph G. y David Glenn Smith

1996 "Distribution of four founding mtDNA haplogroups among Native North Americans", *American Journal of Physical Anthropology* 101(3):307-323.

Lucchetti, Enzo

2005 "Deriva genética y flujo génico", en *Para comprender la antropología biológica*, Esther Rebato, Charles Susanne y Brunetto (eds) Chiarelli, Barcelona, Verbo Divino, pp. 369-379.

Manzanilla, Linda (ed.)

2005 *Reacomodos demográficos del Clásico al Posclásico en el centro de México*, México, IIA-UNAM.

Margulis, Lynn

1971 "Simbiosis and evolution", *Scientific American* 225(2):48-57.

Márquez, Lourdes y Peter J. Schmidt

1984 "Osario infantil en un chultún en Chichén-Itzá", en *Sociedad Mexicana de Antropología, Investigaciones recientes en el área maya, tomo II. Simposio de la XVII Mesa Redonda, 1981, San Cristóbal de las Casas, Chiapas*, México, Sociedad Mexicana de Antropología.

Márquez Morfín, Lourdes y Patricia Hernández Espinoza

2006 "Transición al Posclásico y su efecto en la salud, nutrición y condiciones de vida de algunos pobladores de Chac Mool", en *La población maya de Chac Mool. Análisis biocultural y dinámica demográfica en el Clásico Terminal y el Posclásico*, Lourdes Márquez Morfín, Patricia O. Hernández Espinoza y Ernesto González Licón (coords.), México, ENAH, pp. 36-80.

Márquez Morfín, Lourdes

2010 "Morir por los dioses... y uno que otro humano. Sacrificio de niños en Chichén Itzá o práctica funeraria", en *Los niños: actores sociales ignorados. Levantando el velo, una mirada al pasado*, Lourdes Márquez Morfín (coord.), México, ENAH-INAH, Conaculta, PROMEP-SEP, pp. 253-282.

Mata-Míguez, Jaime, Lisa Overholtzer, Enrique Rodríguez-Alegría *et al*

2012 "The Genetic Impact of Aztec Imperialism: Ancient Mitochondrial DNA Evidence From Xaltocan, Mexico", *American Journal of Physical Anthropology* 149(4):504-516.

Mathews, Jennifer P. y Rubén Maldonado Cárdenas

2006 "Late Formative and Early Classic Interaction Spheres Reflected in the Megalithic Style", en *Lifeways in the Northern Maya Lowlands. New Approaches to Archaeology in the Yucatán Peninsula*, Jennifer P. Mathews y Bethany A. Morrison (eds), Tucson, University of Arizona Press, pp. 95-118.

Merchant Larios, Horacio

2005 *El mundo de la célula*, México, DGDC-UNAM, GDF, STC [Ciencia de boleto 3].

Merriwether, D. Andrew, F. Rothhammer y *et al*

1995 "Distribution of the Four Founding Lineage Haplotypes in Native Americans Suggest a Single Wave of Migration for the New World", *American Journal of Physical Anthropology* 98(4):411-430.

Merriwether, D. Andrew y Robert E. Ferrell

1996 "The Four Founding Lineage Hypothesis for the New World: A Critical Reevaluation", *Molecular Phylogenetics and Evolution* 5(1):241-246.

Merriwether, D. Andrew, David M. Reed y Robert E. Ferrell

1997 "Ancient and Contemporary Mitochondrial DNA Variation in the Maya", en *Bones of the Maya: Studies of Ancient Skeletons*, Stephen L. Whittington y David M Reed (eds.), Washington, Smithsonian Institute Press, pp. 208-217.

Mitchell, David, Eske Willerslev y Anders J. Hansen

2005 "Damage and Repair of Ancient DNA", *Mutation Research* 571(1-2):265-276.

Montero Ruiz, Ignacio, Manuel García Heras y Elías López-Romero

2007 "Arqueometría: cambios y tendencias actuales", *Trabajos de Prehistoria* 64(1):23-40.

Montiel, Rafael, Assumpcio Malgosa y Eulàlia Subirà

1997 "Overcoming PCR inhibitors in ancient DNA extracts from teeth", *Ancient Biomolecules* 1(3):221-225.

Moral, Pedro

2005 "Selección natural en las poblaciones humanas", en *Para comprender la antropología biológica*, Esther Rebato, Charles Susanne y Brunetto (eds) Chiarelli, Barcelona, Verbo Divino, pp. 369-379.

Moreno-Estrada, Andrés, Simon Gravel, Fouad Zakharia *et al*

2013 "Reconstructing the Population Genetic History of the Caribbean", *PLoS Genetics* 9(11):e1003925.

Moreno Vázquez, Santiago

2001 "Análisis de resultados en la caracterización molecular", en *Conservación y caracterización de recursos fitogenéticos*, Fernando González-Andrés y José M. Pita Villamil (eds.), Valladolid, Publicaciones INEA, pp. 253-266.

Morin, Edgar

1978 *El paradigma perdido: el paraíso olvidado. Ensayo de bioantropología*, 2da ed, Domènec Bergadà (trad.), Barcelona, Editorial Kairós [título original Le paradigme perdu: la nature humaine].

Pääbo, Svante

1985 "Molecular Cloning of Ancient Egyptian Mummy DNA", *Nature* 314( 6012):644-645.

Pääbo, Svante, John A. Gifford y Allan C. Wilson

1988 "Mitochondrial DNA Sequences from a 7,000-year Old Brain", *Nucleic Acids Research* 16(20):9775-9787.

Pääbo, Svante

1989 "Ancient DNA: Extraction, Characterization, Molecular Cloning, and Enzymatic Amplification", *Proceedings of the National Academy of Sciences* 86(6):1939-1943.

Pakendorf, Brigitte y Mark Stoneking

2005 "Mitochondrial DNA and Human Evolution", *Annual Review of Genomics and Human Genetics* 6:165-183.

Pierce, Benjamin A.

2012 *Genética. Un enfoque conceptual*, 3ra ed, Estefanía Bello, Silvia Fernández Castelo, Emilia Más, Marcela Peper y María Victoria Preciado (trad.), Madrid, Editorial médica Panamericana. [título original Genetics. A Conceptual Approach].

Piña Chan, Roman

1993 *Chichén Itzá. La ciudad de los brujos del agua*, México, Fondo de Cultura Económica.

Rivera Dorado, Miguel

2001 "Las tierras bajas de la zona maya en el Posclásico", en *Historia Antigua de México. Vol. III: El horizonte posclásico*, Linda Manzanilla y Leonardo (coords.) López Luján, 2da ed, México, INAH/ IIA-UNAM/ Miguel Ángel Porrúa, Librero-Editor, pp. 127-159.

Sahagún, fray Bernardino de

1989 *Historia general de las cosas de Nueva España*, 2 tomos, Alfredo López Austin y Josefina García Quintana (eds.), México, Conaculta. [Cien de México].

Schackt, J.

2002 "Los Mayas: El origen del término y la creación del pueblo", *Revista de Estudios Interétnicos, Edición especial* (16):1-26.

Schurr, Theodore G.

2000 "Mitochondrial DNA and the Peopling of the New World", *American Scientist* 51(3):246-254.

Schurr, Theodore G.

2004 "The Peopling of the New World: Perspectives from Molecular Anthropology", *Annual Review of Anthropology* 33:551-583.

Sigurðardóttir, Sigrún, Agnar Helgason, Jeffrey R. Gulcher *et al*

2000 "The Mutation Rate in the Human mtDNA Control Region", *American Journal of Human Genetics* 66(5):1599-1609.

Slatkin, Montgomery

1994 "Gene Flow and Population Structure", en *Ecological Genetics*, Leslie A. Real (ed.), Princeton, Princeton University Press, pp. 3-17.

Stone, Anne C. y Mark Stoneking

1998 "mtDNA analysis of a prehistoric Oneota population: implications for the peopling of the New World", *American Journal of Human Genetics* 62(5):1153-1170.

Thompson, Edward H. y J. Eric S. Thompson

1938 "The High Priest's Grave. Chichén Itza, Yucatán, México", *Anthropology Series* XXVII.

Thompson, J. Eric S.

1970 *Maya History and Religion*, Norman, University of Oklahoma Press.

Thompson, J. Eric S.

1990 *Grandeza y decadencia de los mayas*, 3ra ed, Lauro J. Zavala (trad.), México, Fondo de Cultura Económica [título original Rise and Fall of Maya Civilization].

Tiesler Blos, Vera y Andrea Cucina

2010 "Sacrificio, tratamiento y ofrenda del cuerpo humano entre los mayas peninsulares", en *El sacrificio humano en la tradición religiosa mesoamericana*, Leonardo López Luján y Guilhem Olivier (coords.), México, INAH/ IIH-UNAM, pp. 195-226.

Torróni, Antonio, Theodore G. Schurr, Chi-Chuan Yang *et al*

1992 "Native American Mitochondrial DNA Analysis Indicates That the Amerind and Nadene Populations Were Founded by Two Independent Migrations", *Genetics* (130):153-162.

Torróni, Antonio, Theodore G. Schurr, Margaret F. Cabell *et al*

1993 "Asian Affinities and Continental Radiation of the Four Founding Native American mtDNAs", *American Journal of Human Genetics* 53(3):563-590.

Tuross, N.

1994 "The Biochemistry of Ancient DNA in Bone", *Experientia* (50):530-535.

Valiñas, Leopoldo

2010 "Historia lingüística: migraciones y asentamientos. Relaciones entre pueblos y lenguas", en *Historia sociolingüística de México. Vol. I*, Rebeca Barriga Villanueva y Pedro Martín Butragueño (dirs.), México, El Colegio de México, pp. 97-160.

Varela, Tito, Rosa Lodeiro, José Fariña *et al*

2005 "Estudio de la consanguinidad y sus efectos", en *Para comprender la antropología biológica*, Esther Rebato, Charles Susanne y Brunetto (eds) Chiarelli, Barcelona, Verbo Divino, pp. 369-379.

Villagutierre Soto-Mayor, Juan de

1984 *Historia de la conquista de la provincia de el itza*, edición facsimilar del original de 1701, México, Centro de Estudios de Historia de México/ Condumex.

Wallace, D. C.

1995 "Mitochondrial DNA Variation in Human Evolution, Degenerative Disease, and Aging", *American Journal of Human Genetics* 57(2):207-223.

Wren, Linnea y Peter J. Schmidt

1991 "Elite Interaction During the Terminal Classic Period: New Evidence from Chichén Itzá", en *Classic Maya Political History: Hieroglyphic and Archaeological Evidence*, T. Patrick Culbert (ed.), Cambridge, Cambridge University Press, pp. 199-225.

Zeitoun, Valéry, Alain Person y *et al*

1996 "Évolution post-mortem de la cristallinité de la carbonate hydroxylapatite d'ossement humains", *Bulletin et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris* 8(3-4):289-297.