



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA  
DE MÉXICO**

---

---

**FACULTAD DE CIENCIAS**

**Análisis de marcadores genéticos del DNA mitocondrial  
en indígenas teenek que habitan la Huasteca Potosina,  
México.**

**T E S I S**

**QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:**

**BIÓLOGO**

**P R E S E N T A:**

**Héctor Alessandro López Hernández**



**DIRECTORA DE TESIS:  
DRA. ANGÉLICA GONZÁLEZ OLIVER**

**Ciudad Universitaria, Cd. Mx., 2019**



Universidad Nacional  
Autónoma de México



**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.

## HOJA DE DATOS DEL JURADO

### 1. Datos del Alumno

López  
Hernández  
Héctor  
Alessandro  
55 68 69 83 56  
Universidad Nacional Autónoma de México  
Facultad de Ciencias  
Biología  
311005523

### 2. Datos del Tutor

Dra.  
Angélica  
González  
Oliver

### 3. Datos Sinodal 1

Dr.  
Jorge  
Antonio  
García  
Alvarez

### 4. Datos Sinodal 2

M. en C.  
David  
Melquiades  
Medina  
Pérez

### 5. Datos Sinodal 3

Dr.  
Allan  
Ortega  
Muñoz

### 6. Datos Sinodal 4

Biól.  
Benjamín  
Cristian  
Corona  
Comunidad

### 7. Datos Trabajo Escrito

Análisis de marcadores genéticos del DNA mitocondrial en indígenas teenek que habitan la Huasteca Potosina, México.  
91 p.  
2019

Para ti mamá;  
por tu culpa soy así.

## **AGRADECIMIENTOS ACADÉMICOS**

A la Universidad Nacional Autónoma de México por permitirme ser parte de su campus desde Prepa 6 y aquí en Facultad de Ciencias.

A la Dra. Angélica González Oliver, por su apoyo, correcciones, enseñanza y asesoría en este trabajo. Además, por su apoyo, paciencia, comprensión y confianza para pertenecer al Laboratorio de Antropología Molecular. El tiempo y dedicación que ha invertido en sus alumnos me ha inspirado para dedicarme a esta gran área. Me siento honrado y orgulloso por haber sido adoptado como un hijo académico.

Al Maestro en Ciencias Ernesto Garfias Morales, por su apoyo, comentarios y enseñanza. Sin su presencia este trabajo no podría seguir adelante. Sus enseñanzas en el área de la biología molecular, así como el tiempo dedicado a nosotros será siempre invaluable. Un gran hermano.

Al pasante de Maestría en Ciencias, Benjamín Cristian Corona Comunidad, por su apoyo y asesoría experimental en la técnica de PCR, además del apoyo técnico brindado para la identificación de los haplogrupos mitocondriales en los teenek; por sus comentarios y apoyo en genética de poblaciones y su ayuda con este trabajo.

Al Doctor Jorge Antonio García Alvarez, por sus comentarios y aportaciones para la realización de esta tesis. Además de sus enseñanzas durante mis primeros años en la formación del taller.

Al pasante de doctorado, David Melquiades por su apoyo y comentarios en la realización de este trabajo, así como sus enseñanzas durante mis primeros años en el laboratorio.

Al Doctor Allan Ortega Muñoz, por sus comentarios y aportaciones en la realización de esta tesis.

A mis compañeros de laboratorio, por sus comentarios y apoyo en la realización de este trabajo.

Esta tesis contó con el apoyo de Ciencia Básica CONACyT No. 252130.

Al pueblo teenek por su valiosa e invaluable contribución en este estudio, el cuál enriquece a nuestra nación con su presencia, cultura, gastronomía, arte, historia, y ahora, identidad genética. Especialmente, al señor Flavio Martínez Terán (*en la imagen*) representante del consejo de ancianos y promotor cultural del origen Teenek ejido de Chununtzen, municipio de Huehuetlán, San Luis Potosí, ya que en noviembre de 2010 nos concedió el permiso y facilitó el acercamiento con las comunidades para realizar la colecta de muestras biológicas.

El grupo teenek, junto a las otras naciones indígenas que forman parte de esta *macronación* llamada México, forman parte esencial de la identidad y carácter que caracteriza al país del resto del mundo.



*Créditos a la imagen de la Dra. Angélica González Oliver, 2010.*

## AGRADECIMIENTOS PERSONALES

A mi madre, Estela, por no soltar nunca mi mano; por tu cariño y amor. Gracias a ti, tus hijos seguimos adelante. Cuando me pregunten “*Dime, dime ¿qué vas a ser, cuando seas grande?*”, responderé que quiero ser como tú. Tu apoyo incondicional durante la realización de esta tesis te hace ser casi coautora.

A mamá Tere, por siempre cuidar del bienestar de toda su familia, ya sean hijas, nietos y nietas (y muy probablemente bisnietos o bisnietas). Eres, junto a mi mamá, las mujeres más fuertes que conozco. Me siento orgulloso de que en mis venas corra la misma sangre de San Luis.

A mi abuelita Josefina, por preocuparte siempre por nosotros. Tu esfuerzo y sacrificio dio frutos en nosotros, tus descendientes.

A mi papá, donde sea que andes.

A todas mis tías y todos mis tíos. Son muchísimas las ocasiones que no teníamos para comer y siempre estuvieron ahí para darnos, aunque sea, un taco.

A mis compañeros de la Facultad de Ciencias. Son bastantes los que he conocido, así que siéntanse libres de hacer de este párrafo el suyo.

A Jazive, por tu tiempo, cariño y apoyo.

A mis amigos de la prepa, Ema, Memo, Drugs, Alex, Mau, Oso; y de la secundaria, Salvador, Eduardo y Miriam.

*We few, we happy few, we band of brothers...*

A todos y cada uno de los profesores que formaron parte de mi vida, gracias a su apoyo y enseñanza, pude continuar mis estudios, ya sea con un abrazo, con una felicitación, con un taco o con una sonrisa.

A Ari:

*Fly me to the moon, and let me play among the stars...*

锄禾日当午

汗滴禾下土。

谁知盘中餐

粒粒皆辛苦。

*Campesinos arando al medio día,*

*Sudando en el campo todavía.*

*¿Habrá alguien durante la cena,*

*Que sus esfuerzos agradezcan?*

*El esfuerzo de los campesinos.*

李绅, Li Shen.

## Índice

Resumen .....	1
Abstract .....	2
1. Introducción .....	3
1.1 Antropología Molecular .....	3
1.2 Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) .....	4
1.3 DNA Mitocondrial (mtDNA).....	6
1.4 El Genoma Mitocondrial Humano en los estudios de Genética de Poblaciones. ....	9
1.5 El Pueblo Teenek. ....	11
1.5.1 La lengua teenek y sus relaciones mayas.....	15
1.6 La Cultura Maya.....	19
1.7 Los Pueblos Nahuas.....	23
1.8 Antecedentes de estudios genéticos en poblaciones indígenas mexicanas. ....	28
2. Objetivos .....	30
2.1 Objetivo General .....	30
2.2 Objetivos Particulares. ....	30
3. Método .....	31
3.1. Obtención de muestras biológicas .....	31
3.2 Extracción de DNA.....	31
3.3 Identificación de los Haplogrupos Mitocondriales A, B, C y D mediante PCR. ....	32
3.4 Análisis Electroforético.....	33
3.5 Análisis de Restricción. ....	33
3.6 Análisis Estadístico.....	34
3.6.1 Prueba estadística del Test Exacto de Fisher. ....	36
3.6.2 Análisis de Componentes Principales (ACP) .....	36
3.6.3 Análisis de Genética de Poblaciones .....	37
3.6.4 Escalamiento Multidimensional No-Métrico (N-MDS) .....	38
4. Resultados.....	39
4.1 Haplogrupos mitocondriales.....	39
4.2 Prueba estadística de Test Exacto de Fisher. ....	40

4.3 Análisis de Componentes Principales (ACP) .....	45
4.4 Análisis de Genética de Poblaciones. ....	54
4.5 Análisis de Escalamiento Multidimensional No-Métrico (MDS).....	59
5. Discusión .....	64
6. Conclusiones .....	71
Bibliografía Consultada .....	72

## Resumen

Los teenek son un pueblo indígena oriundo de la Huasteca, México. Su idioma, homógrafo de su gentilicio, está relacionado con las lenguas mayas de la Península de Yucatán. Esta asociación lingüística relaciona el origen de los teenek como un pueblo originario de los Montes Cuchumatanes, en Guatemala, desplazándose hacia su actual ubicación, en la Huasteca. Otras fuentes afirman que los ancestros de los teenek se separaron del resto de las regiones mayas debido a la intrusión de otros grupos lingüísticos, ya que la antigua cultura *proto-maya* se extendía desde la Huasteca, Golfo de México, Guatemala, Belice y Honduras. Los teenek poseen una relación cultural muy fuerte con otros pueblos indígenas, en especial con los nahuas, con quienes comparte territorio en la Huasteca. Esta relación ha sido descrita en múltiples códices, infiriendo un probable origen nahua.

En esta tesis se analizó el mtDNA de 81 indígenas teenek, se determinaron las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales y se compararon con las de otras poblaciones indígenas antiguas y modernas de México para identificar las relaciones genéticas que mantienen los teenek con las poblaciones mayas y nahuas.

Aunque los teenek pertenecen a la familia lingüística maya, los resultados sugieren que éstos muestran un patrón de frecuencias de haplogrupos mitocondriales distinto a las poblaciones mayas (de mayor a menor, A>C>B>D), y similar al de las poblaciones nahuas (A>B>C>D), en discrepancia con su afiliación lingüística. Sin embargo, esta similitud del patrón mitocondrial con los nahuas sugiere flujo génico y no implica una ancestría en común.

La mayoría de las poblaciones clasificadas dentro de una misma familia lingüística mostraron una mayor cercanía génica, lo que concuerda con su filiación lingüística y cultural.

El estudio de los haplotipos mitocondriales en la población teenek permitirá entender con precisión su origen, y las relaciones genéticas con las poblaciones nahuas y mayas.

## Abstract

Teenek people inhabit the Huasteca region in Mexico. Their language belongs to the Maya linguistic family. Based on the linguistic relations it has been proposed that the teenek originated in the Montes Cuchumatanes from Guatemala and then migrated to the Huasteca. On the other hand, based on the supposition that the proto-maya culture extended from Huasteca to Honduras, other historical sources suggest that the Teenek ancestors were isolated from the Maya populations by the intrusion of different linguistic family groups.

The Teenek have a strong cultural relation with Nahuas, with whom they share territory in the Huasteca. This relationship has been described in different codices, suggesting a possible Nahua origin.

In this thesis, 81 mtDNAs of Teenek individuals were analyzed. The mitochondrial haplogroup frequencies were compared with other ancient and modern indigenous populations from Mexico. The aim of this study is to describe the genetic relationship between Teenek, Nahua and Maya populations.

Although Teenek language belongs to the Mayan language family, the haplogroup frequencies showed Teenek people have a different pattern to that exhibited by the Mayan populations (from highest to lowest frequency  $A > C > B > D$ ). Conversely, despite their linguistic affiliation, they show a pattern similar to that of Nahua populations ( $A > B > C > D$ ). However, this mitochondrial haplogroup pattern might be the result of gene flow and not necessary of common ancestry.

Usually, populations classified into the same linguistic family show close genetic relationships, in agreement with their linguistic and cultural affiliation.

The analysis of the mitochondrial haplotypes in the Teenek population will contribute to understanding their origin and the genetic relationships with Mayan and Nahua populations.

# 1. Introducción

## 1.1 Antropología Molecular

La Antropología Molecular es el estudio de la evolución del humano y los primates a través de la información que se obtiene de las secuencias del ácido desoxirribonucleico (DNA) (Destro-Bisol, 2010). Su origen data de la década de 1920, y en un principio, su objetivo fue encontrar diferencias raciales entre humanos caucásicos, asiáticos y africanos con base en los estudios de las proteínas serológicas. Con el paso del tiempo, estos estudios cayeron en desuso debido a la poca afinidad que tienen las variaciones serológicas con las “razas humanas” teóricas (Marks, 2002). Posteriormente, Cavalli-Sforza y Edwards (1964) encontraron que las poblaciones humanas guardan estrechas relaciones geográficas, abriendo el camino al estudio de las migraciones humanas por medio de las relaciones genéticas (Marks, 2002).

El DNA mitocondrial (*mtDNA*) es una de las moléculas más estudiada por los antropólogos moleculares, junto con el cromosoma “Y” y los microsatélites. El genoma completo fue publicado por Anderson *et al.* (1981) y permitió establecer patrones de relación/dispersión entre grupos humanos. Además, las técnicas que se desarrollaron en la década de los ochenta, como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, *polymerase chain reaction* por sus siglas en inglés), aumentaron las posibilidades de estudiar más regiones variables del genoma humano, tales como STR (del inglés *short tandem repeats*), VNTR (*variable number of tandem repeats*) y RFLP (*restriction fragment-length polymorfism*) (Stoneking, 1997).

Con la llegada de secuenciadores de tercera generación, los genomas completos de otros homíninos extintos (*neandertales* o *denisovianos*) han podido ser analizados (Prüfer *et al.*,

2017) permitiendo conocer la relación genética que guardamos con otras especies humanas, patrones de dispersión, posibles enfermedades, entre otros (Sankararaman *et al.*, 2014).

## 1.2 Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

La reacción en cadena de la polimerasa es una técnica empleada en las ciencias biológicas y biomédicas. Consiste en la amplificación *in vitro* de un segmento de DNA para su análisis en el laboratorio (Ghannam y Varacallo, 2018). Esta técnica tiene como fundamento principal la replicación del DNA realizada por la enzima DNA polimerasa I en las células vivas (Bermingham y Luetlich, 2003). La PCR requiere de una cadena de DNA molde a partir de la cual comenzará la replicación. También se necesita una cadena de oligonucleótidos conocidos como *primers* (*forward* y *reverse*), que tienen la finalidad de unirse a la cadena molde dada la complementariedad de sus bases; ambos *primers* son necesarios para que se pueda replicar la región de DNA. El proceso comenzará una vez que una molécula termoestable de DNA polimerasa I, la Taq polimerasa (Saiki *et al.*, 1988), comience a reclutar distintas bases dioxi-nucleotídicas trifosfatadas (dNTPs) y formar dos copias del molde original durante el primer ciclo de replicación (Mullis, 1990; Saiki *et al.*, 1985).

Este proceso involucra tres ciclos secuenciales repetitivos: desnaturalización, alineación y elongación. La desnaturalización comienza elevando la temperatura del ambiente acuoso a 95 °C, logrando romper los puentes de hidrógeno que mantienen unida a la molécula de DNA. Después, la temperatura es reducida a 50 o 65 °C debido a que la afinidad de los *primers* para unirse al molde depende de una temperatura exacta (Wittwer *et al.*, 1997), así como de que éstos no sean complementarios entre sí para evitar la formación de dímeros de *primer* (Saiki *et al.*, 1988).

Una vez unidos los *primers* a la secuencia complementaria en el extremo 3' de la región de interés, la temperatura ambiente comenzará a aumentar a 72 u 85 °C, comenzando el proceso de replicación. Esta temperatura es la óptima para que una molécula de Taq polimerasa comience a reclutar nucleótidos de la solución y sintetice una nueva hebra de DNA en dirección 3' a 5'. La nueva hebra de DNA será complementaria con las bases de la hebra original y además será también utilizada para otro ciclo de PCR (Figura 1; Ghannam y Varacallo, 2018; Saiki *et al.*, 1988). Sin embargo, se deben considerar que a medida que aumentan la cantidad de ciclos de PCR, también aumentan los errores que una Taq polimerasa va insertando en cada ciclo.

Por otra parte, cualquier fuente de DNA puede ser utilizada como molde para replicar, ya sea proveniente de saliva, sangre, fluidos, muestras forenses y distintos tejidos de humanos (Bermingham y Luetlich, 2003). En algunas ocasiones pueden presentarse problemas con la manipulación de la muestra biológica, por ejemplo, contaminación de RNA o DNA ajeno a las muestras lo que ocasiona resultados incorrectos. Otra desventaja del método de PCR es que el diseño de *primers* requiere del conocimiento de una secuencia complementaria conocida, aunque también pueden utilizarse *primers* que no son específicos a la secuencia de interés, logrando unirse a una secuencia que, si bien no es idéntica, si es similar (Smith *et al.*, 2009). Ya que existen más ventajas que desventajas, la PCR se ha utilizado prácticamente en múltiples estudios como el análisis de la variación de la secuencia del DNA mitocondrial (Cann y Wilson, 1983), el estudio de anemia a través de la detección de mutaciones genéticas (Saiki *et al.*, 1985) o la identificación de individuos por medio de la variación de las regiones repetitivas cortas en tándem (STR) para análisis forense (Tamaki *et al.*, 2005).

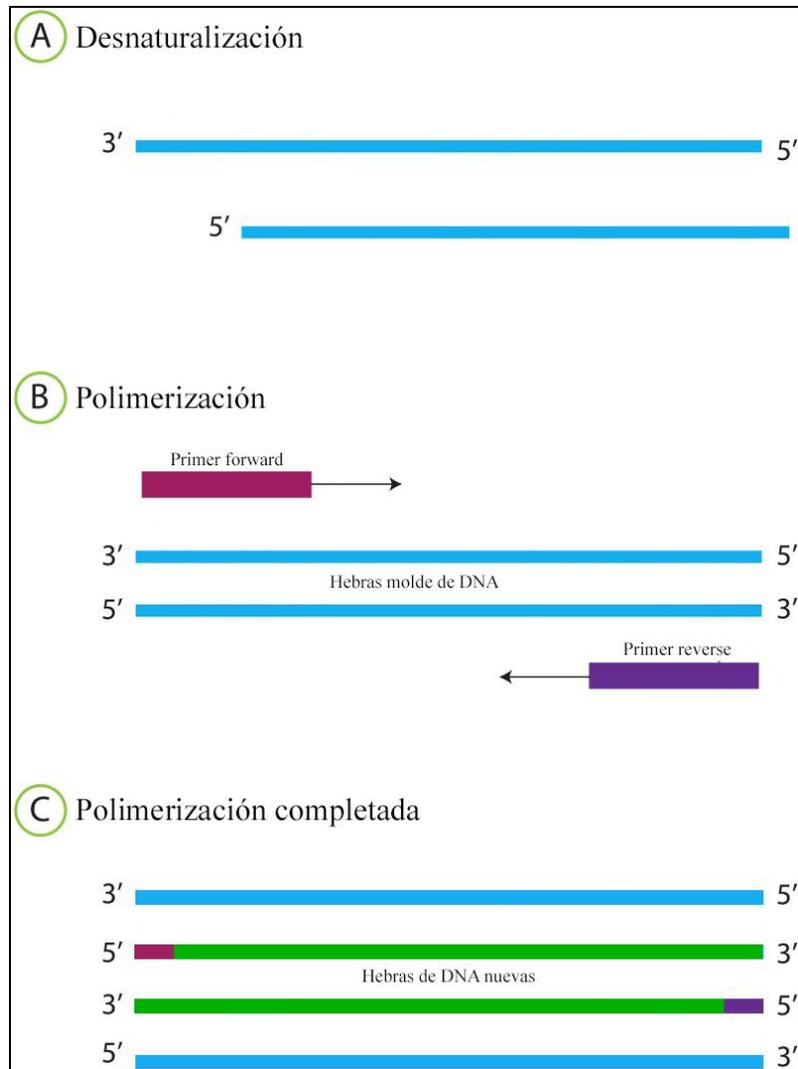


Figura 1. Proceso ilustrado de la reacción en cadena de la polimerasa.  
Modificado de Anaya y Shoenfeld, 2013.

### 1.3 DNA Mitocondrial (mtDNA)

El genoma mitocondrial consiste de un pequeño cromosoma circular que se encuentra en las mitocondrias de los seres vivos. En una etapa temprana del origen de los eucariontes, ocurrió una simbiosis entre bacterias y proto-eucariontes, derivando en las mitocondrias y cloroplastos de los eucariontes (Margulis *et al.*, 2006; Johnston y Williams, 2016). El genoma mitocondrial humano contiene alrededor de 16,569 pares de bases, menos del 0.001% del tamaño del genoma nuclear (Anderson *et al.*, 1981).

El genoma mitocondrial codifica para:

- 2 genes ribosomales que codifican para la subunidad 12s y 16S.
- Genes que codifican para los aminoácidos de 22 tRNA.
- 13 proteínas de la fosforilación oxidativa:
  - 7 proteínas del complejo I-NADH deshidrogenasa (ND1, ND2, ND3, ND4, ND4L, ND5, ND6).
  - 3 proteínas del complejo IV-Citocromo oxidasa (COI, COII, COIII).
  - 2 del complejo V-ATP sintetasa (ATPasa6, ATPasa8).
  - 1 del complejo III-Citocromo  $\beta$ -oxido-reductasa.

Una de las particularidades del mtDNA es la transcripción. Este genoma presenta una cadena pesada (H) y una cadena ligera (L). La síntesis de la cadena pesada ocurre en el sentido de las manecillas del reloj mientras que la síntesis de la cadena ligera ocurre en el sentido contrario de las manecillas del reloj. De los 37 genes del mtDNA, únicamente 9 se encuentran en la cadena ligera, los cuáles codifican para una proteína (ND6) del complejo I-NADH deshidrogenasa y un RNA de transferencia (Figura 2; Lodish *et al.*, 2000). El resto del genoma consiste en una porción no codificante llamada *región control* (Alberts *et al.*, 2002). En cuanto al número de copias de mtDNA, este puede variar según el tejido. Por ejemplo, en algunos tejidos como músculos cardiacos y huesos se pueden encontrar desde 4,000 a 6,000 copias de mtDNA por célula, mientras que otros tejidos como hígado, riñón o pulmones presentan de 500 a 2,000 copias (D'Erchia *et al.*, 2015).

Otra característica del genoma mitocondrial es su alta tasa de mutación que es de 5 a 10 veces más rápida que el DNA nuclear, que presenta una tasa menor al 0.3% (Brown *et al.*, 1979) y además se hereda exclusivamente por vía materna (Giles *et al.*, 1980; Wallace, 2007). Sin



más mutaciones que el resto de la molécula y provee una gran cantidad de información por medio de sus polimorfismos (Meyer *et al.*, 1999). La región control se divide en tres regiones hipervariables: HVR I, HVR II y HVR III (*Hypervariable region* por sus siglas en inglés). La HVR I se encuentra entre la posición 16,024-16,365; HVR II en la posición 73-340 y la HVR III en la posición 438-574 (Lutz *et al.*, 1996). Debido a que la función de la HVR II es la de controlar la replicación y traducción del mtDNA, posee pocas mutaciones en comparación a HVR I, misma que es utilizada para estudios de evolución molecular (Picornell *et al.*, 2005; Santos *et al.*, 2008; Ren *et al.*, 2017).

#### **1.4 El Genoma Mitocondrial Humano en los estudios de Genética de Poblaciones.**

Los primeros estudios de genética de poblaciones en humanos fueron realizados con RFLP's, los cuáles consistían en determinar las diferencias genéticas entre humanos de diferentes regiones por medio de enzimas de restricción (Brown, 1980). Más adelante, se dio a conocer la variación genética entre poblaciones de origen asiático, africano, europeo y americano, revelando la existencia de polimorfismos únicos compartidos entre los miembros de un mismo continente (Denaro *et al.*, 1981; Merriwether *et al.*, 1991).

Con base en los estudios de los polimorfismos en el genoma mitocondrial, se propuso la primera clasificación de cuatro grandes grupos mitocondriales: A, B, C y D (Torroni *et al.*, 1992). Esta clasificación se basa en los polimorfismos encontrados en la región codificante del genoma (Cann *et al.*, 1984). Aunque también existen análisis hechos a partir de la región no codificante los cuales se basan en los polimorfismos de la HVR I (Brown *et al.*, 1979; Greenberg *et al.*, 1983, Stoneking, 2000). Sin embargo, estos análisis del mtDNA corresponden únicamente a una mitad de la historia de la humanidad; una línea matrilineal.

Por lo tanto, siempre es recomendable considerar estudios de cromosoma "Y" para complementar las rutas de dispersión, migración, mezcla y/o diferenciación.

Para el estudio de las variantes polimórficas del mtDNA se han utilizado dos términos: el haplogrupo y el haplotipo. Un haplogrupo es un conjunto de haplotipos o secuencias mitocondriales con una mutación en común, con relación filogenética y se encuentra en la región codificante del genoma mitocondrial; un haplotipo es una secuencia variante por una o más mutaciones asociadas a la región control (Kemp y Schurr, 2010).

Además, se ha relacionado directamente la distribución de las frecuencias de los haplogrupos con la lingüística, grupos culturales o una región geográfica (Lorenz y Smith, 1996; Smith *et al.*, 1999). En México, se ha observado una alta distribución de haplogrupo A y B en la mayoría de los grupos indígenas, y una frecuencia muy baja de haplogrupo C y D (Torrioni *et al.*, 1993; González-Oliver *et al.*, 2001; De la Cruz *et al.*, 2008; Garfias, 2012; Pérez Martínez, 2013; Bravo López 2016), excepto en grupos otomangues, como mazahuas del centro de México, donde la frecuencia del haplogrupo B es más alta que el haplogrupo A (González-Oliver *et al.*, 2017).

Debido a que el genoma mitocondrial no presenta recombinación, los cambios producidos por las mutaciones se acumulan a lo largo de los linajes maternos, produciendo nuevas ramificaciones que son de importancia para establecer relaciones a partir de las diferencias entre grupos humanos y así estimar el tiempo en que ocurrió esta divergencia (Shields *et al.*, 1993; Garfias, 2012; Kundu y Ghosh, 2015).

### 1.5 El Pueblo Teenek.

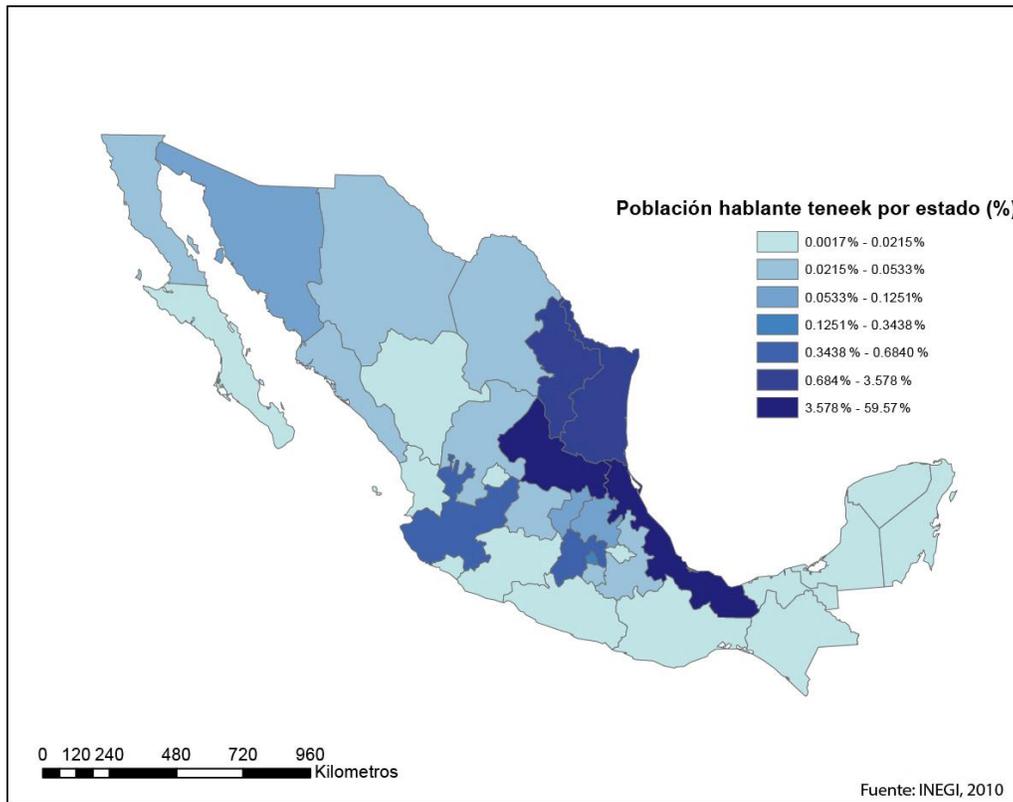


Figura 3. Número de hablantes Teenek distribuidos en la República Mexicana. Los datos fueron obtenidos por el último conteo realizado por INEGI en el 2010.

Los *teenek* son un grupo indígena oriundo de México. Su nombre significa “*los de aquí*” (C.D.I., s.f.). Habitan principalmente en las regiones de alta montaña de la Sierra Madre Oriental de los estados de Hidalgo, Puebla, Querétaro, San Luis Potosí, Tamaulipas y Veracruz (Figura 3; INEGI, 2008; 2015); la presencia de este grupo indígena en estas regiones define culturalmente a esta zona como la Huasteca, razón por la cual sus habitantes son conocidos también como “huastecos” (INAH, 2008). San Luis Potosí es la entidad federal con más indígenas teenek, contando con aproximadamente 99,000 personas (INEGI, 2010). La mayoría de la población se concentra en los municipios de Aquismón, Ciudad Valles, Huehuetlán, San Antonio, Tampacán, Tanlajás y Tancanhuitz de Santos, conviviendo con otros grupos como los mestizos, nahuas, pames y otomíes (Gallardo, 2004).

El origen de la toponimia “Huasteca” posee distintas hipótesis. La más aceptada sugiere que proviene del vocablo náhuatl *cuextécatl*, nombre que utilizaban los nahuas para referirse a los habitantes de esta región, y que deriva del nombre del líder huasteco Cuextécatl. Según el Códice Florentino, un grupo de personas arribaron a una región conocida como Tamoanchan; se establecieron un tiempo en esta zona y después el grupo se separó en tres: los poseedores de libros, los brujos (o *nenonotzaleque*), y el resto del grupo permaneció en aquel lugar. Posterior a la salida de los *nenonotzaleque*, Mayahuel (figura mitológica nahua) descubrió el proceso de elaboración del pulque. Los distintos gobernantes y notables que se quedaron en Tamoanchan fueron al monte Pozonaltépetl, lugar donde se elaboró dicho brebaje, y les fue repartido cuatro raciones a cada uno, número relacionado con la libación. Uno de estos gobernantes, Cuextécatl, trasgredió esta limitación y bebió de más, tras lo cual, él y su pueblo, llamados en el códice como “la gente de una sola lengua”, fueron expulsados y obligados a migrar hacia Panotla, actual Pánuco. Se sugiere que la “gente” a la que se hace referencia sean los *teenek*. A partir de entonces, en el imaginario cultural nahua, los *teenek* serían asociados a la embriaguez y la desnudez (Johansson, 2012).

Otra explicación al origen de la palabra Huasteca es que proviene del vocablo *huax*: calabaza. Las descripciones nahuas señalan a los huastecos como personas con dientes con forma de “semillas de calabaza”, debido a la práctica de mutilación dental que practicaban los *teenek* en el que afilaban sus dientes, convirtiéndose en el gentilicio que les daría su nombre a los habitantes de esta región (Bernardino de Sahagún, 1540; Johansson, 2012; Ariel de Vidas, 2003).

Según registros arqueológicos, los primeros habitantes de la Huasteca ocuparon el sitio aproximadamente en el año 1000 a.C. Los restos de ollas provenientes del sur de México,

materiales y técnicas parecidas a las encontradas en Monte Albán sugirieron una temprana relación cultural con los mayas (Ekholm, 1946). Aproximadamente en el 500-600 d.C. comenzó el periodo de máximo esplendor, mismo que coincide cronológicamente con la cultura Teotihuacana, de la cual se sabe que existía contacto, pero aparentemente no existía ninguna influencia cultural (Kratser y Kratser, 1973). Durante todo el periodo Clásico (200-1000 d.C.) la cultura huasteca llegaría a su máximo esplendor, dejando huella de su arquitectura o cerámica en algunas partes de la región (Figura 4). Además, comenzaría una expansión hacia el occidente mexicano, estableciendo relaciones comerciales con otras culturas de Mesoamérica y Aridoamérica, como Chihuahua y Zacatecas, e inclusive logrando mantener contacto con culturas del Valle del Mississippi (Zaragoza, 1998; Dávila 2009). A partir del Posclásico (1000 d.C.) hasta 1521, la cultura huasteca comenzaría a ceder terreno en las zonas del occidente mexicano por el auge del imperio mexica (Ochoa, 1979).

Poco antes de la llegada de los españoles, durante el siglo XV, hubo varias batallas disputadas en territorio Huasteco entre los habitantes de la región y los mexicas. Los primeros enfrentamientos comenzaron en 1458, con victorias de los invasores. La campaña militar continuó durante los siguientes años hasta la llegada de Moctezuma Xocoyotzin (1480-1520), cuyo dominio nunca se concretó por el alto costo económico y de vidas humanas que resultó dicha campaña (Ariel de Vidas, 2009).

La dominación mexica sobre los pueblos de la Huasteca nunca se dio en su totalidad porque no existía un solo señorío que dominara en la zona. La ausencia de un líder huasteco permitió que muchas regiones, como el Pánuco, no pagaran tributo ni prestaran servicios a los señores mexicas (López de Gómara, 1979). Su sumisión al ejército mexica se debía únicamente al comercio que tenían con Tenochtitlán, cuyas mantas de algodón de extrema fineza les formó



época colonial, la gran mayoría de los huastecos perecieron. Los sobrevivientes fueron utilizados como esclavos obligados a saquear los recursos naturales hasta el punto de la desertificación. Para el final del dominio español, gran parte de la región se encontraba organizada socialmente en congregaciones, permitiéndoles cierta independencia de la capital novohispana a cambio del pago de tributos (Ariel de Vidas, 2009).

### **1.5.1 La lengua teenek y sus relaciones mayas.**

Una de las principales características de los habitantes de la Huasteca es su lengua, el teenek (homógrafo de su gentilicio), la cual se encuentra emparentada con las lenguas mayas de Yucatán (Campbell, 1985). Según el análisis glotocronológico, el teenek ha permanecido separado del resto de las familias mayas desde hace 3000 años (Stresser-Péan, 2006). El origen y las relaciones de los teenek con el resto de las culturas mayas han sido centro de múltiples teorías y discusiones. Las principales hipótesis sugieren dos orígenes. La primera propone una lengua hipotética de la cual derivaron todas las lenguas mayas actuales, el *protomaya*, cuyos primeros hablantes habitaron en una región cercana a los montes Cuchumatanes, en Guatemala (Figura 5; Campbell y Kaufman, 1985). Posteriormente, en el 2200 a.C., comenzaría la separación de las lenguas huastecanas de las mayas y alrededor del 1500-1000 a.C., los ancestros de los teenek migrarían hacia el norte (Kaufman, 1976; McQuown 1964). Por lo tanto, se cree que el teenek, junto con su lengua más emparentada, el chicomucelteco, varían más que el resto de las lenguas mayas ya que fueron las primeras en separarse del núcleo cultural protomaya (Campbell y Kaufman, 1985). Por otra parte, la hipótesis del “Origen de la Costa del Golfo” afirma que los mayas habitaron las costas del Golfo de México, desde el Pánuco, en el norte del país, hasta la región del Petén, en Guatemala (Houston y Robertson, 2015). Sin embargo, esta región fue interrumpida por la

invasión de grupos totonacas y nahuas, lo que provocó el aislamiento cultural y lingüístico de los mayas que habitaron la Huasteca del resto de los grupos de la península, dando origen a los actuales teenek (MacNeish, 1954).

Existen otras teorías lingüistas que relacionan al idioma teenek como una rama ancestral del protomaya con un origen olmeca (Coe y Kotz, 2002). La relación que existe entre el origen de los mayas como herederos de la cultura olmeca ha sido propuesta en varias ocasiones dada su conexión con el sistema de escritura, estilo arquitectónico y la práctica de sacrificios humanos (Sharer y Traxler, 2006). Uno de los ejemplos más importantes es aquella leyenda nahua que relata la creación del Quinto Sol y de la humanidad tras el cataclismo ocurrido en el Cuarto Sol. Dicha leyenda se cree que tiene su origen en alguna cultura que se asentó en el Golfo de México, región que fue dominada por El Tajín (600-900 d.C.) y en cuya estructura arqueológica se ha representado en un gran mural a dicha leyenda. Aunque también ha aparecido en la cultura huasteca, en el periodo Posclásico; ambas culturas son muy anteriores a los primeros pueblos nahuas en Mesoamérica (Delhalle y Luykx, 1986). Esto es importante ya que Tamoanchan, lugar mencionado en varios textos nahuas, es probable que se encuentre en las costas del Golfo de México, mismo lugar que Fray Bernardino de Sahagún propone como el origen del pueblo olmeca, y, por lo tanto, el probable origen de las culturas mesoamericanas, en especial de los mayas (Davies, 1977).

Por otra parte, también existe la posibilidad de que los teenek no sean un grupo homogéneo, debido principalmente al origen olmeca, náhuatl de algunas palabras e inclusive palabras de origen mississippiano, sobretodo porque esta región ha funcionado como un gran canal de intercambio cultural y comercial. El Tajín, Teotihuacán, Xochicalco y Cacaxtla han sido algunas de las culturas que han dejado restos arqueológicos en estas regiones (Dávila, 2009;

Ochoa, 1989), haciendo que la conciliación del teenek con las otras lenguas mayas mediante el análisis glotocronológico y lingüístico sean aún más difícil de precisar. Por otra parte, los pueblos que crean frontera en el norte de Mesoamérica, incluyendo la cultura huasteca, han tenido un fuerte contacto con otras culturas del Suroeste Americano, por lo que no es de sorprender que exista la presencia de estos pueblos en su lengua, alfarería o cultura (White y Weinstein 2008).

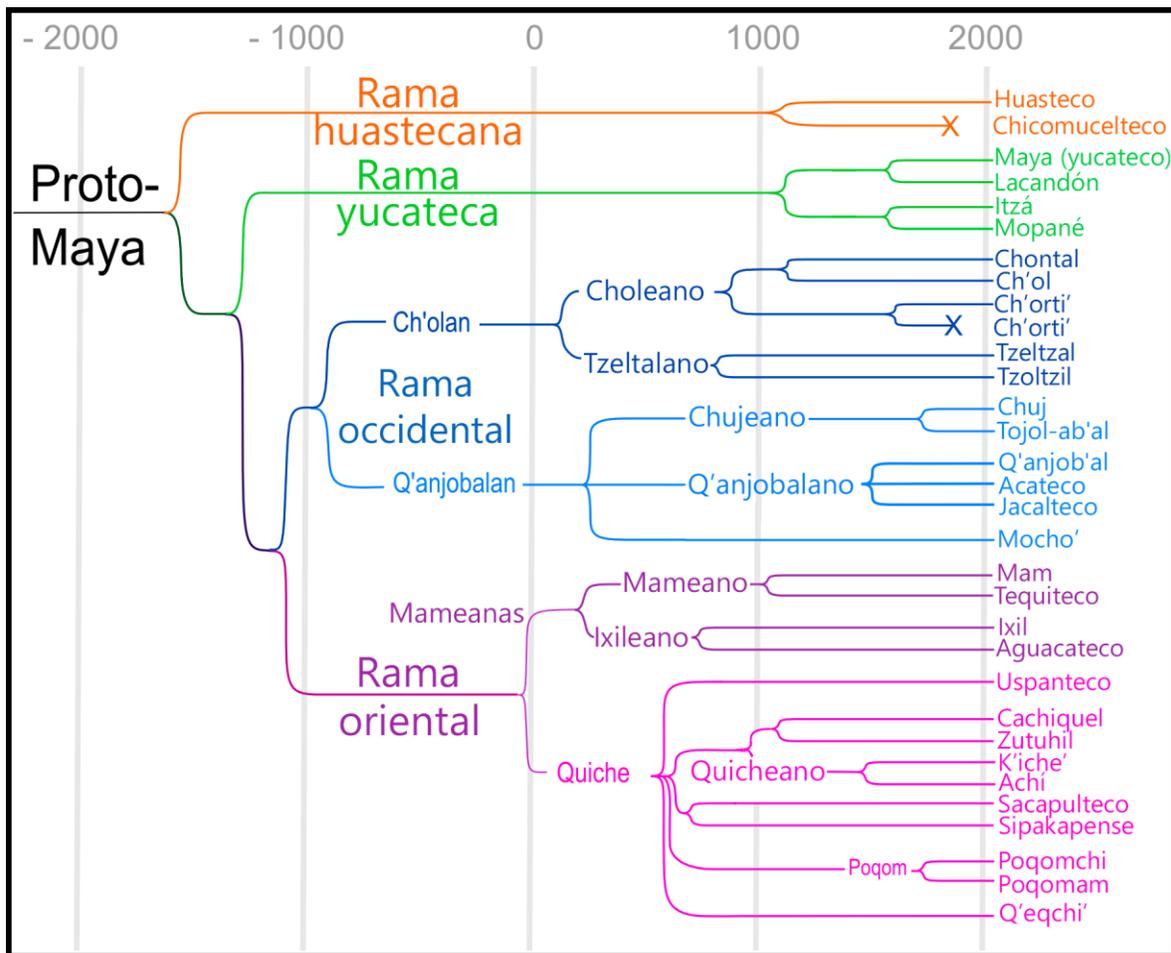


Figura 5. Clasificación de las lenguas mayenses y registro histórico. Las lenguas extintas aparecen con una X. Modificado de Campbell y Kaufman, 1985



Figura 6. Mapa del área de influencia maya con la localización de los principales sitios arqueológicos. Extraído de Sharer, 2009.

## 1.6 La Cultura Maya

La cultura maya se desarrolló en la Península de Yucatán y Centroamérica, por lo que es considerada una cultura mesoamericana (Figura 6). Los primeros habitantes de esta región se cree que se asentaron alrededor del 1500 a.C. durante el Preclásico temprano (2500-1200 a.C.), en la región de Ocos, Guatemala, es por ello que reciben el nombre de *Cultura Ocos*. Las principales ciudades encontradas por arqueólogos son la Barra y Locona. Sus principales actividades fueron la agricultura a pequeña escala y la alfarería, misma que se cree que podía haber llegado a Sudamérica (Foster, 2007).

En Mesoamérica, la cultura más influyente fue la cultura Olmeca, desde La Venta, cuyos rastros pueden encontrarse desde el 2000 a.C. hasta el 400. Durante todo el Preclásico, ejerció una fuerte influencia en las culturas mayas que se desarrollarían en Guatemala (Sharer, 2009).

Hacia el año 1000 a.C. en el Preclásico medio (1200-400 a.C.) en las costas del pacífico guatemalteco, las ciudades dominantes de la región fueron La Blanca, Cuadro y el Jocotal. Este periodo se caracteriza por el auge de las rutas comerciales entre las culturas olmeca y maya. Buena parte de los poblados de Chiapas, Belice y El Salvador eran rurales y con estructuras sociales complejas. A la Blanca le sucedió Ujuxte como el centro urbano más numeroso, siendo un punto de comercio muy importante entre los olmecas y los mayas entre el 800-100 a.C. (Sharer, 2009; Grube, 2000).

Al final, durante el Preclásico tardío (400 a.C.- 250 d.C.) la ciudad más influyente e importante fue *Kaminaljuyú*. Su dominio se basaba principalmente en el control que ejercía sobre los yacimientos de obsidiana, el cacao y el jade del río Montagua. La mayoría de su población hablaba una lengua emparentada con la rama lingüística Ch'ol, pero estos fueron desplazados entre el 100-200 d.C. por hablantes del grupo Ki'che (Grube; 2000). Otras

ciudades importantes de esta época fueron El Mirador y Nakbé, en El Peten, Guatemala. Ambas ciudades ejercieron un fuerte control comercial. Incrementaron sus políticas públicas concentrando el poder en las manos de sus políticos y ejercieron un fuerte control sobre su población con ritos religiosos (Sharer, 2009).

La aparición de más ciudades, la fundación de nuevas rutas comerciales, los disturbios públicos y el cambio climático significó el fin del dominio de estas ciudades. Kaminaljuyú, por ejemplo, perdió el control de su poderío comercial tras la fundación Solano, ciudad estratégicamente cercana a Escuintla, Chiapas (Grube, 2000).

El Clásico maya (200-1,000 d.C.) se caracterizó por la fundación de múltiples ciudades-estado a lo largo de la región del altiplano de Chiapas y Guatemala. Las principales ciudades-estados fueron Copán en Honduras, Calakmul, Cobá, Comalcalco y Palenque en México y Tikal en Guatemala. Poco antes de la caída de Kaminaljuyú, la ciudad de Teotihuacán comenzaba a ejercer una fuerte influencia cultural y económica sobre las ciudades mayas. Esta influencia se alargaría durante el resto del periodo Clásico hasta la caída de Teotihuacán en 850 d.C. (Grube, 2000).

Este periodo es también el de máximo esplendor. En él se desarrollarían los principales íconos de la cultura maya, logros arquitectónicos y científicos (Martínez y Vega, 2011).

Se calcula que habitaron poco más de 20 millones de habitantes en todo Mesoamérica, jerarquizándose aún más a la población entre la clase noble, los sacerdotes, y los *yalba uinicob*, convirtiéndose estos últimos en la clase más baja de la sociedad maya (George y George, 2010).

Al final del periodo Clásico, los principales centros mayas comenzarían a ser abandonados y a su vez, su poder político. Las principales causas se hipotetizan entre pugnas internas, cambio climático, interrupción de las rutas comerciales entre otros (Richardson, 2008). Esta serie de eventos afectó sobre todo a las ciudades ubicadas en las tierras bajas del sur, en Guatemala, propiciando la migración y el aumento de la población entre las ciudades de la Península de Yucatán. Algunas de las ciudades beneficiadas por la inmigración son Chichen Itzá y Uxmal, las cuáles mostraron un incremento en su actividad comercial, dominando políticamente la zona durante el fin del periodo Clásico (Grube, 2000).

El Posclásico maya (1100-1520) se caracterizó por el aumento en la actividad comercial en la Península de Yucatán. Representa el inicio del comercio marítimo entre las ciudades de la costa y la introducción de nuevas formas de organización política. Los principales productos comerciales eran la sal, el algodón, y la miel (Martínez y Vega, 2011). Tras la caída de Teotihuacán, la ciudad más poderosa en el Altiplano sería Tula, sin embargo, esta no ejercería una influencia evidente sobre los mayas. El grupo cultural dominante sería el Ki'che, especialmente en la región de las tierras altas de Yucatán. Esta región, sería dominada por la influencia política de Mayapan en una confederación (conocida como la *Liga de Mayapán*) hasta 1441, al igual que ciudades como Cozumel, Tulum, y Chaktemal (Sharer, 2009). En Guatemala los principales centros urbanos serían Utatlán (conocido como K'umarcaaj en Quiché), dominado por los quichés, e Iximché, de los cakchiqueles (Grube, 2000).

Los primeros encuentros entre españoles y mayas se dieron entre 1511, cuando un barco expedicionario español había partido de Cuba y naufragó a causa de una tormenta hacia Yucatán. En él sobrevivió un pequeño grupo de expedicionarios. Uno de los sobrevivientes fue Gonzalo de Guerrero (1470-1536), quien más tarde se aculturaría en la sociedad maya y

terminaría al frente de sus ejércitos. Otro sobreviviente, Gerónimo de Aguilar (1489-1531), se encontró con Hernán Cortés (1486-1547) y se puso a su servicio como traductor. Las siguientes expediciones quedarían a cargo de Francisco Montejo (1479-1558; comenzando en 1529 hasta 1534) conquistando parte de Tabasco, Campeche y Yucatán. Sin embargo, tras la noticia de la conquista del Imperio Inca y las noticias sobre la abundancia de oro en esa zona, muchos de sus hombres abandonaron a Montejo, mismo que abandonó Yucatán debido su débil posición militar y la fortaleza social entre los diferentes caciques mayas. Tras la financiación de una nueva campaña militar, la última fase de la conquista ocurrió entre 1535 y 1548, donde Francisco Montejo sobrino (1517-1572) y Lorenzo Godoy (¿?-157?) ejercieron una fuerte represión contra los mayas de Yucatán, provocando la migración en masa de la población maya hacia las tierras del actual Petén, desde donde se organizaron para enfrentar a los españoles. De 1547 a 1548, la resistencia maya destruyó poblados y aldeas, privando así a los españoles de recursos, sin embargo, esto terminó con la captura y decapitación de sus caciques y líderes militares. Tras la caída de los líderes mayas, la población se concentró en comunidades fácilmente controlables, la nobleza sobreviviente comenzó a integrarse al nuevo sistema administrativo y comenzaría el proceso de adoctrinamiento de la sociedad maya restante con la evangelización cristiana, construyendo iglesias sobre las ruinas de sus templos y quemando los libros de sus sacerdotes, negándoles y destruyendo su historia e identidad (Tabla1). En los siguientes 50 años, la población maya en Yucatán disminuiría de 2.5 a 1 millón de habitantes principalmente por la violencia de la conquista y las enfermedades traídas del nuevo mundo.

Corona Española Consejo de las Indias			
Funcionarios de la Corona Española	Virrey y/o Capitán Regional		Iglesia
Autoridades Regionales	Audiencia	Gobernador provincial	Obispo
Administración Local	Encomendero	Corregidor o Alcalde Mayor	Sacerdote
Autoridades Locales indígenas	Cabildos españoles	Gobernador	Cofradías
		Alcalde Regional /Escribientes/Notarios	Maestro cantor

*Tabla 1. Autoridades y jerarquías en los territorios españoles de ultramar a principios del siglo XVII. Tras la conquista, se implantó el Consejo de las Indias, el cuál le haría llegar instrucciones a los Virreyes o gobernadores locales. A nivel local, la corona decidió transportar el modelo de administración social español. Grube, 2000.*

### 1.7 Los Pueblos Nahuas.

Los nahuas es el pueblo indígena más grande de México (INEGI, 2010), encontrándose la mayoría en los estados del centro de la república; herederos de una cultura que dominó el altiplano central desde el siglo XIV hasta 1521. Su principal característica es el uso de la lengua *náhuatl* (hablar con claridad, suavidad; CDI, s.f.), el cual también la convierte en la lengua indígena más hablada del país; un millón 376 mil (INEGI, 2005), sin embargo, el número de hablantes disminuye cada vez más (INEGI, 2010; 2015).

La lengua náhuatl pertenece a una familia lingüística llamada *yutoazteca* (Miller, 1984), encontrándose emparentada con otras lenguas como el pochuteco (extinta en 1954) y el pipil (Tabla 2). El origen del yutoazteca se calcula, mediante análisis glotocronológicos, hace 4000-5000 años. (Miller, 1983; Steele, 1979; Hill, 2015). Los hablantes del *proto-yutoazteca*, la lengua hipotética que dio origen a las lenguas actuales, habitaron las tierras altas de

Yutoazteca	Yutoazteca del Norte (División sosheana)	Numic	Oeste	Paviotso-Bannock-Snake		
				Monache		
			Central	Shoshoni-Goshiute		
			Sureño	Paiute Sureño		
				Ute		
				Chemehuevi		
		Kawaiisu				
		Tubatulabal				
		Takic	Serrano			
			Kitanemuk			
			Cahuilla			
			Cupeño			
			Luiseño-Juaneño			
	Gabrielino					
	Fernandeño					
	Hopi					
	Yutoazteca del Sur (División sonorese/mexicana)	Pimic (Tepimiano)	Pima-Papago			
			Pima Bajo			
			Tepehuano Norteño			
			Tepehuano Sureño			
			Tepecano			
		Taracahitico	Tarahumara			
			Guarijío			
		Tubar †				
		Cahitano				
		Opatano	Ópata †			
			Eudeve (Heve, Dohema) †			
Corachol-Azteca		Cora-Huichol	Cora			
			Huichol			
		Nahuano (Aztecaño, Nahua, Nahuatlán)	Pochuteco †			
	Nahua del Centro		Pipil			
Náhuatl (mexicano)						

Tabla 2. Clasificación Lingüística de la familia Yutoazteca. Las lenguas extintas están marcadas con †. Modificado y obtenido de Campbell, 1997.

Arizona, Nuevo México, Sonora y Chihuahua, hipotetizándose un posible origen cultural en el centro de California (Hill, 2010; 2012). Hace aproximadamente 3400 años comenzó una ruptura que daría origen a las dos grandes subfamilias del yutoazteca: la división sosheana (o yuta) y la división sonorese (o mexicana; Hill, 2001a). Esta división pudo ser motivada por la llegada del maíz al Suroeste Americano, cuyos trazos arqueológicos ubican las más

antiguas evidencias del maíz en esa región alrededor hace 3000-4500 años (Hill, 2001b; Diehl, 1999). El crecimiento demográfico y lo atractiva que parecía la región mesoamericana, desde donde surgió el maíz, pudieron ser los principales motivos de la migración de grupos *proto-sonorenses* hacia el altiplano mexicano y, desde ahí, comenzar su expansión por todo Mesoamérica (Hill, 2001a; 2001b). Sin embargo, nueva evidencia arqueológica (con datos basados en radiocarbono), afirman que la llegada del maíz al Suroeste Americano se dio en el  $\pm 2100$  a.C., es decir, un milenio antes de la ruptura lingüística propuesta por Hill (2001a), mientras que la separación de las familias sonorenses y shosheanas ocurrieron en el 6000 a.C. (Merrill, 2009).

La región donde se hipotetiza que habitaban los hablantes del *proto-nahuano*, o conocido por Wichmann (2010) como *proto-nahua-pochuteco* es en el occidente mexicano (Colima, Jalisco y Nayarit) alrededor del 2500-200 a.C. (periodo Preclásico). Wichmann et al., (2010), sugieren que el centro de origen se encuentra en Sonora, en la actual región Yaqui, dada la ausencia de términos nahuas en las lenguas aledañas a esta región. Por lo tanto, el náhuatl es considerada una lengua que ingresó tardíamente a Mesoamérica, alrededor del 500 d.C., comenzando su expansión en el 800 d.C. hacia el Valle de México, Guatemala y El Salvador (Kaufman, 2001).

El origen del náhuatl clásico, y por lo tanto del pueblo nahua, tiene hasta ahora un origen directo: el mito de Aztlán. Según se sugiere, los pueblos nahuas que habitaron el Valle de México provenían de una tierra al noroeste, motivo por el cual el origen de este grupo era claramente chichimeca, es decir, pueblos bárbaros que venían más allá de los límites de Mesoamérica (Castillo, 2001). Sin embargo, la localización exacta de Aztlán y los motivos

que promovieron el éxodo hacia el Valle de México, así como la ruta de migración son tema de debate entre múltiples especialistas (Elzey, 1991; Davletshin, 2012).

Otras fuentes refieren que los aztecas no fueron los únicos grupos del norte que migraron hacia Mesoamérica. Existen indicios de que otros grupos de afiliación lingüística nahua migraron junto con los aztecas hacia el Valle de México, inclusive, grupos no necesariamente relacionados con el náhuatl como el otomí (Smith, 1984, Davies, 1980). Estas grandes migraciones tuvieron lugar entre los años 1100 y 1400 d.C., durante el Posclásico, y se cree que fue promovido por un periodo de inestabilidad climática y sequías que finalmente desembocaron en la migración masiva desde Aridoamérica, Occidente de México hasta el Centro de México (Armillas, 1969). El primero de estos grupos es conocido como los chichimecas, grupo conformado por otros grupos culturales no necesariamente relacionados con el náhuatl (Smith, 1984). Este grupo se cree que llegó hasta la región de Tolán (Tula), la cual se hipotetiza que las migraciones tuvieron un papel muy importante en su caída (1175 d.C.; Davies, 1977). Aunque se sabe de la existencia de grupos nahuas que habitaron Tula en aquel tiempo, mucho se discute sobre la similitud que guarda esta ciudad con Chichen Itzá y la similitud entre la cerámica de El Tesoro, Oaxaca, con la encontrada en esta región, siendo probablemente Tula una ciudad pluricultural con mayoría tolteca u otomí, y después, habitadas por nahua (Jones, 1993; Healan, 2012). Otros pueblos migrantes pre-mexicas se asentaron en la Cuenca de México y el Valle de México, siendo estos grupos de amplia mayoría náhuatl. Un ejemplo de esta “invasión nahua” se puede observar en el Valle de Toluca, cuya región contiene a habitantes hablantes del notuná, lengua perteneciente al otomameano, y de cuyo origen se remonta a tiempo antes de la llegada de los primeros hablantes nahuas, mismos que aún permanecen en la actualidad (Smith, 1984; Quezada, 1972).

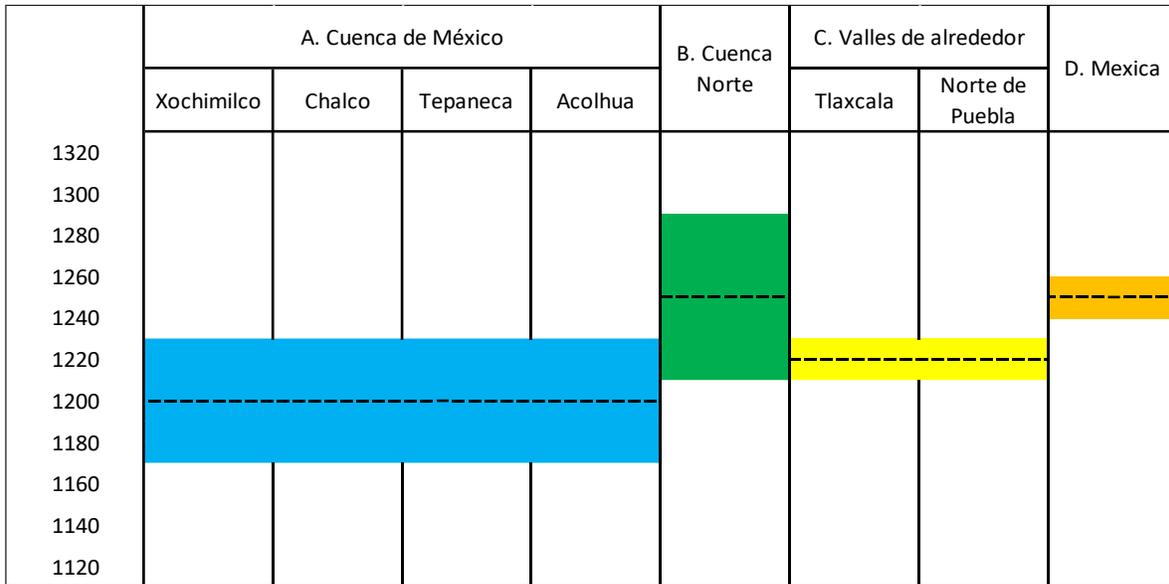


Figura 7. Fechas de la llegada de los grupos de habla nahua. Los grupos nahuas se dividen en 4: Cuenca de México, Cuenca Norte de México, Valles alrededor de la Cuenca y Mexicas. Las líneas punteadas indican la media de su arribo, los colores indican la extensión de su probable arribo. Obtenido y modificado de Smith, 1984.

La llegada de los grupos de habla nahua a la región del Valle de México se ha fechado desde el 1195, 1220 y 1248 (Figura 7; Smith 1984), sin embargo, no es sino hasta 1325 que se lleva a cabo la fundación de la ciudad de México-Tenochtitlán a manos de un grupo de inmigrantes del norte, y de la que a partir de ese entonces sus habitantes lograrían una hegemonía sobre los demás pueblos de Mesoamérica, facilitado en su mayoría por la minoría cultural hablante del náhuatl que existía en otras regiones y las alianzas político-militares que se habían llevado a cabo con otros pueblos del Valle de México (Cervera, 2008). Cange (1988) propone que, dado la relación lingüística que guardan los hablantes nahuas de la Huasteca, Sierra Norte de Puebla, Istmo y el pipil, es quizá el primer grupo migrante que se estableció en el centro y sur de México comenzando a establecerse en la región del Valle de México o en Tula y dividiéndose este grupo en dos: los grupos de la actual Sierra de Puebla y la Huasteca, y los grupos que se expandirían hacia el sur. Tras la expansión de los grupos migrantes del norte, la influencia del náhuatl en otras culturas se hizo presente en otras lenguas indígenas,

principalmente relacionadas a la agricultura (Macri, 2006), además de la posterior expansión militar del imperio mexica hacia el resto de México y Centroamérica. Sin embargo, es probable que el náhuatl se haya expandido aún más tras la conquista española. Durante la evangelización, muchos frailes franciscanos pretendían expandir el catolicismo aprendiendo y usando el náhuatl como *lingua franca* para hacer más fácil el proceso de conversión religiosa (Schwaller, 2012), promoviendo aún más el desplazamiento de otras lenguas distintas al náhuatl en regiones que antes no eran de afiliación mexica. Esta conjunción entre los pueblos no nahuas y nahuas generó el desarrollo de variantes del náhuatl, de las que actualmente se tienen registradas hasta 30 variantes (INALI, 2010).

### **1.8 Antecedentes de estudios genéticos en poblaciones indígenas mexicanas.**

Los grupos indígenas han sido estudiados en su mayoría por medio de las variaciones físicas de las estructuras óseas durante gran parte del siglo XX (León, 1919; Lagunas-Rodríguez, 2002). Tras los primeros estudios hematológicos en indígenas de México (Lisker, *et al.*, 1965) se iniciaron también los primeros estudios antropológicos moleculares. Con base en los estudios descriptivos de la ACP1 fosfatasa en tres poblaciones indígenas (que incluyeron huastecos de Veracruz) se intentó relacionar a las poblaciones indígenas de nuestro país y compararlas con otras poblaciones del mundo (Lisker, 1967). El descubrimiento de la albúmina mexicana abrió un nuevo campo en la genética de poblaciones mexicanas (Melartin *et al.*, 1967). En dichas investigaciones, se han relacionado a los huastecos con grupos mayas y otros grupos indígenas, pero considerándose distantes de los grupos mestizos (Crawford, 1974; Lisker, 1971). Roychoudhury (1975), relacionó por primera vez a los grupos indígenas como grupos lingüísticos, y buscó las distancias genéticas basados en las frecuencias de 14 grupos sanguíneos y 12 loci protéicos. Los resultados sugirieron una relación muy cercana

entre los nahuas de Veracruz y los huastecos de ese mismo estado. Los estudios enfocados en grupos yutoaztecas encontraron diferencias en las frecuencias haplotípicas de la gammagobulina (Gm) de las poblaciones de Estados Unidos y México, sugiriendo una conexión cultural y no genética (Callegari-Jaques, 1993). Además, con este mismo marcador, los teenek y choles mostraron cercanía genética dada la similitud de sus frecuencias Gm, así como los zapotecos y los mazatecos (Steinberg, 1967). Con relación a otros grupos mayas, los teenek del estado de Hidalgo han sido relacionados mediante DNA nuclear, STR, con los grupos otomíes del centro de México (Ibarra-Rivera *et al.*, 2008). Sin embargo, otros estudios hechos con 9 STR sugieren una estrecha relación con los grupos mayas de Yucatán, en cuyo caso, también se propone la existencia de un corredor que conectaba a la península de Yucatán con la Huasteca, pero desconociendo la relación que guardan con otros grupos locales como los nahuas y pames (Barrot 2005; Moreno-Estrada *et al.*, 2014). También, se sugiere la relación que tienen los teenek con otros grupos indígenas como los otomíes y tepehuas del estado de Hidalgo, cuyas historias están muy estrechas dado que fueron los pueblos más expuestos durante la conquista y posterior a la muerte de dichos caciques, su número se ha visto muy reducido, en cuyo caso se ha podido hallar un cuello de botella entre estos tres grupos (Rangel-Villalobos *et al.*, 2016). En la actualidad, el *teenek* o huasteco de Veracruz y el de San Luis Potosí están registrados como dos dialectos muy distintos debido a marcadas diferencias lingüísticas. Se ha propuesto el término *huasteco otontepec* para la lengua huastecana hablada en Veracruz que diferencia al huasteco de San Luis Potosí (Campbell y Kaufman 1985). Sumándole a esto, no se conoce la relación que guardan los hablantes del *teenek* con los del chicomucelteco, los dos únicos miembros de las lenguas huastecanas, ya que por desgracia el chicomucelteco se dejó de hablar en la década de 1990.

## 2. Objetivos

### 2.1 Objetivo General

Contribuir al entendimiento del origen de los teenek que actualmente habitan la Huasteca Potosina, por medio de la identificación de su variación genética del DNA mitocondrial, y compararla con la que exhiben las poblaciones indígenas de las familias lingüísticas maya y yutoazteca del centro y sureste de México.

### 2.2 Objetivos Particulares.

1. Identificar las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales en indígenas teenek que habitan en la Huasteca Potosina.
2. Determinar la diversidad génica de la población teenek y compararla con las que presentan las poblaciones mayas y nahuas, antiguas y actuales.
3. Identificar las relaciones genéticas del mtDNA entre las poblaciones teenek, mayas y nahuas de origen mesoamericano.

## 3. Método

### 3.1. Obtención de muestras biológicas

Las muestras de frotis bucal fueron obtenidas voluntariamente de individuos que pertenecen a la comunidad indígena *teenek* a quienes se les informó adecuadamente sobre el uso en este proyecto de acuerdo con lo establecido por la UNESCO en la Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos de los Humanos y en el marco del respeto a las etnias y su soberanía genética. El consentimiento fue obtenido por medio escrito y verbal con la ayuda de guías y traductores de la región. En el consentimiento se informó a los donantes sobre los objetivos y alcances del proyecto, el procedimiento de recolección de la muestra biológica, el resguardo de los datos personales y de su información genética en el acervo de datos del Laboratorio de Antropología Molecular de la Facultad de Ciencias de la UNAM.

Las muestras fueron recolectadas por la Dra. Angélica González Oliver, maestros y tesisistas del grupo de investigación en el estado de San Luis Potosí, con el conocimiento y permiso de las autoridades municipales, civiles y religiosas de las comunidades visitadas.

Las muestras biológicas utilizadas en este estudio pertenecen a individuos seleccionados al azar considerando los siguientes criterios de inclusión: identificarse miembro de la comunidad *teenek*, hablar y/o entender la lengua, vivir en la comunidad, con padres y abuelos originarios del mismo lugar y no estar relacionados por vía materna. Todas las muestras colectadas fueron almacenadas a una temperatura de -20 °C.

### 3.2 Extracción de DNA

El DNA mitocondrial contemporáneo de individuos *teenek* se extrajo utilizando el kit de extracción de DNA *QIAamp DNA Blood Mini Kit* de QiaGen® con número de catálogo

51104 y siguiendo las instrucciones recomendadas del fabricante. La extracción fue realizada por tesisistas o estudiantes que realizaron su servicio social bajo la supervisión de la Dra. Angélica González Oliver en un área de trabajo exclusiva para el análisis del DNA moderno dentro del Laboratorio de Antropología Molecular.

### 3.3 Identificación de los Haplogrupos Mitocondriales A, B, C y D mediante PCR.

La región específica de los haplogrupos mitocondriales A, B, C y D fue amplificada mediante PCR punto final en un volumen final de 25  $\mu$ L. Las condiciones de PCR y los *primers* utilizados pueden verse en la Tabla 3.

Tabla 3. Condiciones de PCR

	Nombre del marcador	Secuencia 5' a 3' Forward	Secuencia 5' a 3' Reverse
Haplogrupo A	<i>Hae III- 663</i>	ACCTCCTCAAAGCAATACACTG	GTGCTTGATGCTTGTTCCTTTTG
Haplogrupo B	<i>Del 9 pb</i>	ACAGTTTCATGCCCATCGTC	ATGCTAAGTTAGCTTTACAGT
Haplogrupo C	<i>Hinc II-13259</i>	CGCTATCACCACCTCTGTTTCGC	CAGATGTGCAGGAATGCTAGG
Haplogrupo D	<i>Alu I-5176</i>	TAACTACTACCGCATTCTACT	AAAGCCGGTTAGCGGGGCA
	Tamaño del producto (PB)	Temperatura de alineamiento (°C)	Referencia
Haplogrupo A	176	63	Stone y Stoneking, 1993
Haplogrupo B	112-121	52	González-Oliver <i>et al.</i> , 2001
Haplogrupo C	147	60	González-Oliver <i>et al.</i> , 2001
Haplogrupo D	149	55	González-Oliver <i>et al.</i> , 2001

El programa de amplificación fue realizado en el termociclador Eppendor Master Cycler Gradient modelo AG22331 exclusivo para el análisis del DNA moderno. Las condiciones que se establecen son las mostradas en la Tabla 4. Todos los programas de amplificación fueron de 30 ciclos y conforme a lo establecido en las tesis de licenciatura Garfias Morales (2012), y maestría de Pineda Vázquez (2015). Cada PCR contó con dos controles negativos de amplificación, conteniendo todos los reactivos excepto DNA como control de contaminación de los reactivos de PCR y del proceso. También se incluyó un control positivo con una muestra de DNA de la que se conoce el haplogrupo al que pertenece.

Tabla 4. Condiciones de temperatura y tiempo para cada haplogrupo. Las fases sombreadas se repiten 30 ciclos. Modificado de Garfias, 2012

Fase	A	B	C	D
Desnaturalización Inicial	94 °C 2'	94 °C 2'	94 °C 2'	94 °C 2'
Desnaturalización	94 °C 1'	94 °C 1'	94 °C 1'	94 °C 1'
Alineación	63°C 1'	52°C 1'	60°C 1'	55°C 1'
Elongación	72°C 1'	72°C 1'	72°C 1'	72°C 1'
Elongación Final	72°C 7'	72°C 7'	72°C 7'	72°C 7'

### 3.4 Análisis Electroforético

Todos los productos de PCR para los haplogrupos A, C y D se analizaron en geles de poliacrilamida al 12%, mientras que el linaje B fue analizado en geles al 14%. Se utilizó el amortiguador Tris-Borato-EDTA (TB 1X). Para la identificación del tamaño de pares de bases (pb) del producto amplificado, se utilizó 1  $\mu$ L de marcador molecular del bacteriófago  $\Phi$ -x174 restringido con *Hae III*. Los geles se corrieron a 170 volts por una hora y se tiñeron en una solución 0.5 g/L de bromuro de etidio durante cinco minutos con agitación constante y ligera; y después fue observado con luz UV en el transiluminador CL1000.

### 3.5 Análisis de Restricción.

Se utilizaron 3  $\mu$ L del producto de PCR de los haplogrupos A, C y D fueron incubados con 2  $\mu$ L de las enzimas correspondientes durante 24 horas. Los resultados de la restricción se analizaron en geles de poliacrilamida al 12%. Los fragmentos de restricción se indican en la Tabla 5.

Tabla 5. Análisis de restricción

Haplogrupo	Enzimas utilizadas e inicio de reconocimiento	Región de reconocimiento y sitio de corte de 5' a 3'	Tamaño del producto	Secuencia en Anderson <i>et al</i> De 5' a 3'	Sitio de mutación y secuencia mutada
A	Hae III-663	GG/CC	101/75	AGCC	GG-CC 663
C	Hinc II-13259	GTPy/PuAC	83/64	GTCAACT	GTCAAGCT 13,263
D	Alu I-5176	AG/CT	72/77	AGCT	AGAT 5,178

### 3.6 Análisis Estadístico

Se llevó a cabo el reanálisis de datos de las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales de 1984 individuos más los 81 individuos pertenecientes a la comunidad indígena *teenek*. 959 hablaban alguna de las lenguas mayas, de los cuales 862 son muestras actuales y 97 son muestras prehispánicas. 938 hablaban alguna variante del idioma náhuatl, de las cuales 859 son muestras actuales y 82 son muestras prehispánicas. Todas las muestras afiliadas a la familia lingüística otomangue (n=51) son de origen prehispánico, por lo que en este trabajo no hay ninguna muestra actual. Lo mismo sucedió con las muestras de las que se desconoce su afiliación lingüística (n= 36) pero que corresponden al periodo prehispánico.

Tabla 6. Número de individuos utilizados en este estudio, familia lingüística a la que pertenecen y su origen temporal. En negritas, los totales de cada familia lingüística

Familia lingüística	Actuales	Antiguas	<b>Total</b>
Teenek	81	0	<b>81</b>
Mayas	862	97	<b>959</b>
Yutoazteca	856	82	<b>938</b>
Oto-mangue	0	51	<b>51</b>
Desconocido	0	36	<b>36</b>
<b>Total</b>			<b>2065</b>

La Tabla 7 muestra el número de individuos comparados en la presente tesis de cada población, así como la familia lingüística a la que pertenecen, la temporalidad y las fuentes bibliográficas.

*Tabla 7. Resumen del número de individuos por población indígena utilizadas en este estudio.*

Poblaciones	Abreviatura	n	Familia Lingüística	Localidad	Periodo de tiempo	Fuente
Maya 1	p-MBon	5	Maya	Bonampak, Chiapas	Prehispánico	Ochoa-Lugo et al., 2016
Maya 2	p-MPal	9	Maya	Palenque, Chiapas	Prehispánico	
Maya 3	P-MTab	17	Maya	Comacalco, Tenosique, Sueños de Oro, Calicanto, Peje Lagarto, Tabasco	Prehispánico	
Maya 4	p-MRey	5	Maya	El Rey, Quintana Roo	Prehispánico	
Maya 5	p-MXcaret	26	Maya	Xcaret, Quintana Roo	Prehispánico	González-Oliver et al., 2001; enviado 2019
Maya 6	p-MXcam	2	Maya	Xcambo, Yucatán	Prehispánico	Ochoa-Lugo et al., 2016
Maya 7	p-MCop	9	Maya	Copán, Honduras	Prehispánico	Merriwether et al., 1994
Maya 8	c-MXca	24	Maya	Xcaret, Quintana Roo	Colonial	González-Oliver et al., 2001; enviado 2019
Chol	Chol	9	Maya	Chiapas	Contemporáneo	Mizuno et al., 2017
Ch'orti'	Chor	57	Maya	Guatemala	Contemporáneo	Justice, 2011
Itza	Itza	17	Maya	Guatemala	Contemporáneo	Bravo-López, 2016
Lacandona	Laca	81	Maya	Chiapas	Contemporáneo	González-Oliver, 2011
Maya 9	MCam	52	Maya	Campeche	Contemporáneo	Sandoval et al., 2009
Maya 10	MQui1	75	Maya	Quintana Roo	Contemporáneo	González-Oliver et al., enviado 2019
Maya 11	MQui2	44	Maya	Quintana Roo	Contemporáneo	Gorostiza et al., 2012
Maya 12	MQui3	74	Maya	Quintana Roo	Contemporáneo	González-Martín et al., 2015
Maya 13	MYuc1	125	Maya	Yucatán	Contemporáneo	González-Oliver, 2011
Maya 14	MYuc2	27	Maya	Yucatán	Contemporáneo	Torroni et al., 1992
Maya 15	MYuc3	40	Maya	Yucatán	Contemporáneo	González-Martín et al., 2015
Poqomchi	Poqo	65	Maya	Guatemala	Contemporáneo	Justice, 2011
<b>Teenek</b>	<b>Tenek</b>	<b>81</b>	<b>Maya</b>	<b>San Luis Potosí</b>	<b>Contemporáneo</b>	<b>Este estudio</b>
Tojolabal	Tojo	74	Maya	Chiapas	Contemporáneo	González-Martín et al., 2015
Tzeltal	Tzel	35	Maya	Chiapas	Contemporáneo	Peñaloza et al., 2007
Tzotzil	Tzol	87	Maya	Chiapas	Contemporáneo	González-Martín et al., 2015
Cholula	p-Cho	7	?	Cholula, Puebla	Prehispánico	Juárez, 2002
Teopancazco	p-Teo	29	?	Teotihuacán, Estado de México	Prehispánico	Álvarez-Sandoval et al., 2015
Otomi	p-OtXal	10	Otomangue	Xaltocan, Estado de México	Prehispánico	Mata-Míguez et al., 2012
Mixteca	c-Mix	41	Otomangue	Teposcolula Yacundaa, Oaxaca	Colonial	Warinner et al., 2012
Azteca	p-Azt	37	Yuto-azteca	Tlatelolco, Ciudad de México	Prehispánico	Kemp et al., 2005; De la Cruz et al., 2008
Nahua 1	p-NXal	15	Yuto-azteca	Xaltocan, Estado de México	Prehispánico	Mata-Míguez et al., 2012
Tetetzontilco	p-Tet	30	?	Tetetzontilco, Hidalgo	Prehispánico	Solórzano, 2006
Nahua 2	NCDMX1	43	Yuto-azteca	Xochimilco, Ciudad de México	Contemporáneo	Peñaloza et al., 2007
Nahua 3	NCDMX2	59	Yuto-azteca	Atocpan, Ciudad de México	Contemporáneo	
Nahua 4	NGro1	46	Yuto-azteca	Zitlala, Guerrero	Contemporáneo	
Nahua 5	NGro2	41	Yuto-azteca	Chilacapan, Guerrero	Contemporáneo	
Nahua 6	NHgo1	131	Yuto-azteca	Huautla, Hidalgo	Contemporáneo	Aviles-Chávez, (s.f.); Orozco-Bartolo, (s.f.)
Nahua 7	NHgo2	192	Yuto-azteca	Huasteca, Hidalgo	Contemporáneo	Gorostiza et al., 2012
Nahua 8	NPue1	122	Yuto-azteca	Huachinango, Puebla	Contemporáneo	Aviles-Chávez, (s.f.); Orozco-Bartolo, (s.f.)
Nahua 9	NPue2	46	Yuto-azteca	Cuetzalan, Puebla	Contemporáneo	Malhi et al., 2003, 2008; Kemp, 2010
Nahua 10	NSLP	26	Yuto-azteca	San Luis Potosí	Contemporáneo	Aviles-Chávez, (s.f.)
Nahuas11	NVer1	31	Yuto-azteca	Veracruz	Contemporáneo	González-Oliver, enviado 2019
Nahua 12	NVer2	47	Yuto-azteca	Ixhuatlancillo, Veracruz	Contemporáneo	Peñaloza et al., 2007
Nahua 13	NVer3	37	Yuto-azteca	Necoxtla, Veracruz	Contemporáneo	
Nahua 14	NVer4	35	Yuto-azteca	Coyolillo, Veracruz	Contemporáneo	

? Familia lingüística desconocida.

### 3.6.1 Prueba estadística del Test Exacto de Fisher.

Se realizó el análisis estadístico de Fisher utilizando las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales comparando la población *teenek* con el resto de las poblaciones indígenas mexicanas citadas en la Tabla 7; los individuos que no presentaron ninguno de los haplogrupos mitocondriales fueron considerados en esta comparación. Las variables utilizadas se muestran en la Tabla 8. Para ello se utilizó el software *R* versión 1.1.456 con los paquetes de datos *grid*, *vcd*, *rcompanion*, y *dplyr*. La información metodológica para la inserción y análisis de datos puede ser consultada en R Core Team (2018), Meyer *et al.*, (2017), Mangiafico (2018) y Wickham *et al.*, (2018).

*Tabla 8. Valores utilizados en la prueba del Test exacto de Fisher*

Grados de libertad	4
Nivel de confianza	95%
Nivel de significancia	0.05

### 3.6.2 Análisis de Componentes Principales (ACP)

Se realizaron tres análisis de componentes principales utilizando las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales. El primero consistió en analizar todas las poblaciones. El segundo en representar gráficamente la relación que tiene la población *teenek* con las poblaciones prehispánicas. El tercer análisis consistió en representar la relación que tiene la población *teenek* con las poblaciones actuales. Esto con el fin de representar gráficamente la correlación o similitud de los *teenek* con las poblaciones indígenas mexicanas basados en las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales. Para dicho análisis, se utilizó el software *R* versión 1.1.456 con los paquetes de datos *ggfortify* y *ggplot2*. En todos los análisis estadísticos fueron utilizados los individuos agrupados con el nombre de Otros.

Las frecuencias fueron normalizadas con la fórmula:

$$z = \frac{X_i - \bar{X}}{S}$$

Donde:

- Z= Frecuencia normalizada
- $X_i$ = Cada una de las frecuencias
- $\bar{X}$ = Media de la puntuación de la población
- S= Desviación estándar

La información metodológica para la inserción y manejo de datos para el análisis de componentes principales (ACP) puede ser consultada en Tang *et al.*, (2016).

### 3.6.3 Análisis de Genética de Poblaciones

Se realizaron dos análisis moleculares de varianza (AMOVA) utilizando el software Arlequin versión 3.5.1.2 (Excoffier y Lischer, 2010). Utilizando la clasificación lingüística de Ortíz-Álvarez (2005) fueron formando 4 grupos: maya, yutoazteca, otomangue y uno cuya afiliación lingüística se desconoce. El segundo análisis utilizó únicamente datos de poblaciones actuales, sin grupos prehispánicos. También, con el software Arlequin, se obtuvieron las distancias genéticas dentro de las poblaciones pareadas ( $F_{ST}$ ), y los índices de diversidad genética de Nei (H), como ha sido utilizado en González-Oliver (2018).

La matriz de distancias fue obtenida por medio de la siguiente fórmula:

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

Donde:

- $H_T$ =Heterocigosis de toda la población
- $H_S$ =Heterocigosis de la subpoblación

Para el cálculo de la heterocigosis:

$$H = \frac{N}{N-1} \left( 1 - \sum_i x_i^2 \right)$$

Donde:

- N= Número total de la población
- $x_i$ =frecuencia relativa de cada haplogrupo

#### **3.6.4 Escalamiento Multidimensional No-Métrico (N-MDS)**

Basado en las distancias genéticas  $F_{ST}$  de las poblaciones, se realizaron tres análisis de escalamiento multidimensional no-métrico (N-MDS) utilizando el software *STATISTICA 10*. En uno de ellos se comparó la población teenek con todas las poblaciones citadas en este estudio, el segundo comparó los teenek con poblaciones prehispánicas y el tercero comparó a los teenek con las poblaciones actuales con el fin de representar gráficamente las distancias y proximidades genéticas entre las poblaciones en dos dimensiones.

## 4. Resultados

### 4.1 Haplogrupos mitocondriales.

Se tipificaron 81 personas hablantes del teenek del estado de San Luis Potosí para los cuatro haplogrupos mitocondriales: A, B, C y D. El haplogrupo D no se presentó en este grupo indígena. La Tabla 9 muestra las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales de los teenek y los de 44 poblaciones indígenas de México, en total se compararon 2065 individuos, que pertenecen a 15 poblaciones prehispánicas y 29 actuales. 1040 individuos pertenecen a la familia lingüística maya, 938 individuos son de la familia lingüística yutoazteca, 51 pertenecen a la familia otomangue y 36 se desconoce su afiliación lingüística.

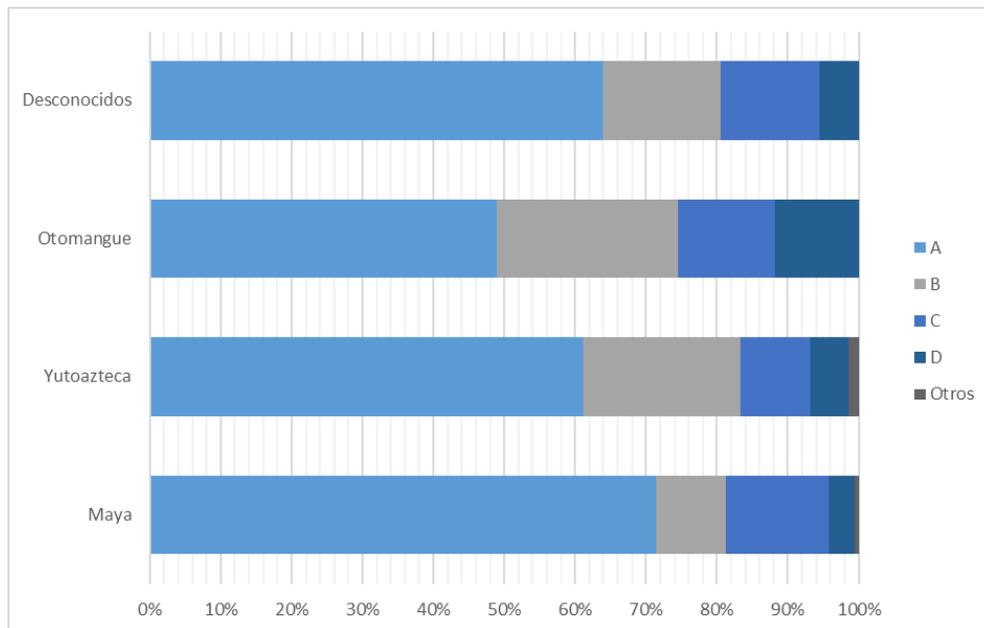
*Tabla 9. Frecuencias porcentuales de los haplogrupos mitocondriales A, B, C y D en las poblaciones indígenas mexicanas. En negritas las poblaciones de este estudio.*

Abreviatura	Poblaciones	n	A (%)	B (%)	C (%)	D (%)	Otros (%)	Abreviatura	Poblaciones	n	A (%)	B (%)	C (%)	D (%)	Otros (%)
p-MBon	Maya 1	5	100.00	0.00	0.00	0.00	0.00	Tzel	Tzeltal	35	60.00	14.29	14.29	11.43	0.00
p-MPal	Maya 2	9	55.56	0.00	33.33	11.11	0.00	Tzol	Tzotzil	87	41.38	24.14	25.29	9.20	0.00
P-MTab	Maya 3	17	47.06	0.00	41.18	11.76	0.00	p-Cho	Cholula	7	100.00	0.00	0.00	0.00	0.00
p-MRey	Maya 4	5	60.00	0.00	40.00	0.00	0.00	p-Teo	Teopancazco	29	55.17	20.69	17.24	6.90	0.00
p-MXcaret	Maya 5	26	84.62	4.00	7.69	0.00	3.85	p-OtXal	Otomi	10	30.00	30.00	0.00	40.00	0.00
p-MXcam	Maya 6	2	100.00	0.00	0.00	0.00	0.00	c-Mix	Mixteca	41	53.66	24.39	17.07	4.88	0.00
p-MCop	Maya 7	9	0.00	0.00	88.89	11.11	0.00	p-Azt	Azteca	37	62.16	16.22	5.41	16.22	0.00
c-MXca	Maya 8	24	66.67	4.17	16.67	12.50	0.00	p-NXal	Nahua 1	15	60.00	20.00	6.67	13.33	0.00
Chol	Chol	9	88.89	0.00	11.11	0.00	0.00	p-Tet	Tetetzontliico	30	73.33	6.67	16.67	3.33	0.00
Chor	Ch'orti'	57	70.18	0.00	24.56	0.00	5.26	NCDMX1	Nahua 2	43	72.09	18.60	9.30	0.00	0.00
Itza	Itza	17	94.12	5.88	0.00	0.00	0.00	NCDMX2	Nahua 3	59	47.46	35.59	11.86	5.08	0.00
Laca	Lacandona	81	98.77	0.00	1.23	0.00	0.00	NGro1	Nahua 4	46	65.22	30.43	2.17	2.17	0.00
MCam	Maya 9	52	61.54	17.31	15.38	5.77	0.00	NGro2	Nahua 5	41	46.34	34.15	7.32	12.20	0.00
MQui1	Maya 10	75	77.30	5.30	10.70	6.70	0.00	NHgo1	Nahua 6	131	69.47	17.56	9.16	0.76	3.05
MQui2	Maya 11	44	79.55	6.82	9.09	4.55	0.00	NHgo2	Nahua 7	192	57.29	28.13	9.38	4.69	0.52
MQui3	Maya 12	74	64.86	16.22	14.86	4.05	0.00	NPue1	Nahua 8	122	61.48	17.21	10.66	8.20	2.46
MYuc1	Maya 13	125	84.80	4.80	8.00	2.40	0.00	NPue2	Nahua 9	46	63.04	19.57	15.22	2.17	0.00
MYuc2	Maya 14	27	51.85	22.22	14.81	7.41	3.70	NSLP	Nahua 10	26	53.85	23.08	23.08	0.00	0.00
MYuc3	Maya 15	40	65.00	15.00	12.50	7.50	0.00	NVer1	Nahuas11	31	80.65	19.35	0.00	0.00	0.00
Poqo	Poqomchi	65	81.54	6.15	12.31	0.00	0.00	NVer2	Nahua 12	47	55.32	27.66	0.00	17.02	0.00
<b>Tenek</b>	<b>Teenek</b>	<b>81</b>	<b>67.90</b>	<b>22.22</b>	<b>9.88</b>	<b>0.00</b>	<b>0.00</b>	NVer3	Nahua 13	37	51.35	40.54	8.11	0.00	0.00
Tojo	Tojolabal	74	25.68	58.11	0.00	16.22	0.00	NVer4	Nahua 14	35	74.29	8.57	0.00	17.14	0.00

Los teenek de San Luis Potosí se caracterizan por tener una alta frecuencia de haplogrupo A con 67.90% seguido del haplogrupo B con 22.22% y haplogrupo C con 9.88%. Ningún individuo mostró pertenecer al haplogrupo D.

En la representación gráfica de las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales por filiación lingüística (sin la población teenek, Figura 8) se observa que las poblaciones de afiliación maya tienen un alto contenido de haplogrupo A y C. Las excepciones son la población tojolabal, tzeltzal y tzoltzil, cuyo contenido de haplogrupo B es mayor.

*Figura 8. Gráfico de frecuencias porcentuales de los haplogrupos mitocondriales A, B, C y D en las poblaciones indígenas mexicanas sin teenek. Este gráfico es únicamente realizado con poblaciones modernas con  $n > 50$  y poblaciones prehispánicas  $n > 5$*



#### 4.2 Prueba estadística de Test Exacto de Fisher.

El análisis de la prueba estadística de test de Fisher (Tabla 10) muestra que los teenek son estadísticamente similares a las poblaciones mayas antiguas de Bonampak y El Rey. Por otra parte, las poblaciones mayas modernas con las que muestra similitud estadística son los

choles, itzaes, mayas de Campeche y los mayas de Quintana Roo (MQui3 de González-Martín *et al.*, 2015). Sin embargo, los choles y los itzaes son representados por pocos individuos, por lo que este número puede afectar la similitud estadística con los teenek. Las poblaciones mayas modernos con diferencias estadísticas son chorti, lacandona, mayas de Quintana Roo (MQui1, González- Oliver *et al.*, 2018; MQui2 Gorostiza *et al.*, 2012), mayas de Yucatán (MYuc1, González- Oliver *et al.*, 2011; MYuc2, Torrioni *et al.*, 1992), poqomchi, tojolabales, tzeltzales y tzoltziles.

Las poblaciones nahuas modernas con las que estadísticamente muestra similitud con los teenek son los nahuas de Xochimilco, Guerrero (NGro1), Hidalgo, Puebla (NPu2), San Luis Potosí y nahuas de Veracruz (NVer1, NVer3). Finalmente, las poblaciones nahuas que fueron estadísticamente diferentes con los teenek son los nahuas de Actopan, Huachinango y Necoxtla.

Las poblaciones del mismo grupo cultural y de la misma región geográfica que no mostraron diferencias estadísticas en la prueba de Fisher, se sumaron para ser consideradas como una sola población en los análisis estadísticos ACP y MDS, estas fueron:

- La población de mayas antiguos de El Rey y Xcaret, las cuales serán referidas como p-MQui.
- Las poblaciones de mayas modernos de Quintana Roo quienes aparecen como MQui.
- Las poblaciones de mayas modernos de Yucatán 1 y 3, y aparecen como MYuc1
- Las poblaciones de nahuas modernos de Guerrero, NGro.
- Las poblaciones de nahuas modernos de Puebla, NPue.
- Las poblaciones de nahuas modernos de Veracruz 2 y 4; y aparecen como NVer2.

Tabla 10. Valores de probabilidad del test exacto de Fisher de las poblaciones indígenas mexicanas. Las abreviaturas corresponden a las poblaciones de la tabla 9.

Test Exacto de Fisher														
	p-MBon	p-MPal	P-MTab	p-MRey	p-MXcaret	p-MXcam	p-MCop	c-MXca	Chol	Chor	Itza	Laca	MCam	MQui1
p-MBon		0.3257	0.1475	0.4444	1.0000	1.0000	0.0005	0.7984	1.0000	0.4781	1.0000	1.0000	0.5982	1.0000
p-MPal	-		1.0000	1.0000	0.0994	1.0000	0.0294	0.7974	0.2941	0.1789	0.0149	0.0002	0.2588	0.0821
P-MTab	-	-		1.0000	0.0060	0.5906	0.0315	0.3058	0.1767	0.0331	0.0009	0.0000	0.0379	0.0038
p-MRey	-	-	-		0.3895	1.0000	0.0275	0.6573	0.5055	0.6949	0.0433	0.0080	0.5442	0.2593
p-MXcaret	-	-	+	-		1.0000	0.0000	0.2115	1.0000	0.1069	0.8531	0.0120	0.0881	0.3699
p-MXcam	-	-	-	-	-		0.0182	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
p-MCop	+	+	+	+	+	+		0.0002	0.0004	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
c-MXca	-	-	-	-	-	-	+		0.7607	0.0285	0.0795	0.0000	0.3727	0.3273
Chol	-	-	-	-	-	-	+	-		0.7911	0.5815	0.1910	0.6665	1.0000
Chor	-	-	+	-	-	-	+	+	-		0.0137	0.0000	0.0004	0.0004
Itza	-	+	+	-	-	-	+	-	-	+		0.3183	0.0955	0.6079
Laca	-	+	+	+	+	-	+	+	-	+	-		0.0000	0.0000
MCam	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+		0.2052
MQui1	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	
MQui2	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-
MQui3	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-
MYuc1	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-
MYuc2	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	+
MYuc3	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	+
Poqo	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-
Tenek	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-
Tojo	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+
Tzel	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-
Tzol	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	+	+	-	+
p-Cho	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
p-Teo	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	+	+	-	-
p-OtXal	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+
c-Mix	-	-	+	-	+	-	+	-	-	+	+	+	-	+
p-Azt	-	-	+	-	+	-	+	-	-	+	-	+	-	+
p-NXal	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-
p-Tet	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-
NCDMX1	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	-	+	-	-
NCDMX2	-	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+	+	-	+
NGro1	-	+	+	+	+	-	+	+	-	+	-	+	-	+
NGro2	-	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+	+	-	+
NHgo1	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	-	+	-	+
NHgo2	-	+	+	-	+	-	+	+	-	+	-	+	-	+
NPue1	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-
NPue2	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	+	+	-	-
NSLP	-	-	+	-	+	-	+	-	-	+	-	+	-	+
NVer1	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-
NVer2	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+
NVer3	-	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+
NVer4	-	+	+	+	+	-	+	-	-	+	-	+	+	-

+ Estadísticamente diferentes (p<0.05)  
- Estadísticamente similares (p>0.5)  
  Poblaciones mayas  
  Poblaciones de otras filiaciones lingüísticas (yuto-azteca y otomangue)

Tabla 10.1 Valores de probabilidad del test exacto de Fisher de las poblaciones indígenas mexicanas (continuación).

Test Exacto de Fisher (continuación 1)															
	MQui2	MQui3	MYuc1	MYuc2	MYuc3	Poqo	Tenek	Tojo	Tzel	Tzol	p-Cho	p-Teo	p-OtXal	c-Mix	p-Azt
p-MBon	1.0000	0.5640	1.0000	0.6199	0.8455	1.0000	0.7480	0.0034	0.7728	0.1435	1.0000	0.6200	0.0483	0.4563	0.5725
p-MPal	0.1513	0.1788	0.0350	0.4737	0.2764	0.0345	0.0107	0.0000	0.5421	0.3640	0.1317	0.4777	0.0563	0.2483	0.0927
P-MTab	0.0106	0.0150	0.0005	0.0776	0.0420	0.0016	0.0001	0.0000	0.1003	0.0680	0.0480	0.0837	0.0040	0.0322	0.0065
p-MRey	0.2313	0.4744	0.1309	0.6150	0.5245	0.2595	0.1597	0.0002	0.6124	0.6823	0.1515	0.5952	0.0476	0.4307	0.1234
p-MXcaret	0.6794	0.1047	0.4089	0.0632	0.1721	0.5157	0.0330	0.0000	0.0933	0.0003	1.0000	0.0447	0.0003	0.0202	0.0335
p-MXcam	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0968	1.0000	0.5827	1.0000	1.0000	0.2879	1.0000	1.0000
p-MCop	0.0000	0.0000	0.0000	0.0002	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0001	0.0006	0.0001	0.0002	0.0002	0.0000	0.0000
c-MXca	0.4866	0.2368	0.0470	0.3127	0.5478	0.0448	0.0040	0.0000	0.7175	0.0519	0.5777	0.3519	0.0199	0.1387	0.3267
Chol	1.0000	0.7419	0.7778	0.4483	0.1712	1.0000	0.2533	0.0000	0.5356	0.0792	1.0000	0.4074	0.0049	0.2691	0.3000
Chor	0.0067	0.0004	0.0004	0.0006	0.0008	0.0112	0.0000	0.0000	0.0006	0.0000	0.3251	0.0006	0.0000	0.0001	0.0000
Itza	0.7123	0.1477	0.7906	0.0506	0.1861	0.3242	0.1048	0.0000	0.0941	0.0008	1.0000	0.0400	0.0009	0.0277	0.0970
Laca	0.0006	0.0000	0.0061	0.0000	0.0000	0.0007	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
MCam	0.2623	0.9546	0.0044	0.6753	0.9536	0.0292	0.1187	0.0000	0.8318	0.1592	0.3801	0.9418	0.0083	0.8439	0.2520
MQui1	1.0000	0.2275	0.4306	0.0295	0.4303	0.2813	0.0118	0.0000	0.2216	0.0000	1.0000	0.0934	0.0008	0.0219	0.0863
MQui2	-	0.3296	0.7460	0.0843	0.5182	0.4305	0.0348	0.0000	0.2791	0.0005	1.0000	0.1340	0.0012	0.0465	0.1363
MQui3	-	-	0.0072	0.3711	0.9039	0.0659	0.2025	0.0000	0.5398	0.0284	0.4742	0.7396	0.0021	0.6057	0.1062
MYuc1	-	+	-	0.0007	0.0215	0.5382	0.0006	0.0000	0.0055	0.0000	1.0000	0.0024	0.0000	0.0002	0.0012
MYuc2	-	-	+	-	0.6993	0.0037	0.0425	0.0000	0.7821	0.3905	0.3361	0.9853	0.1100	0.8658	0.3581
MYuc3	-	-	+	-	-	0.0499	0.0903	0.0000	0.9609	0.1071	0.6931	0.8425	0.0182	0.6283	0.5512
Poqo	-	-	+	+	+	-	0.0235	0.0000	0.0123	0.0000	0.7281	0.0104	0.0000	0.0038	0.0010
Tenek	+	-	+	+	-	+	-	0.0000	0.0196	0.0002	0.4154	0.0926	0.0001	0.1125	0.0035
Tojo	+	+	+	+	+	+	+	-	0.0000	0.0000	0.0003	0.0000	0.1215	0.0000	0.0000
Tzel	-	-	+	-	-	+	+	+	-	0.2164	0.4918	0.8463	0.0553	0.5472	0.6568
Tzol	+	+	+	-	-	+	+	+	-	-	0.0407	0.6603	0.0217	0.5307	0.0169
p-Cho	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	-	0.2543	0.0160	0.2140	0.4399
p-Teo	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	0.0448	1.0000	0.3436
p-OtXal	+	+	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	-	0.0179	0.1685
c-Mix	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	0.1456
p-Azt	-	-	+	-	-	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-
p-NXal	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-
p-Tet	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	-	+	-	-
NCDMX1	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	-	+
NCDMX2	+	-	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	-	+
NGro1	+	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+	-	-
NGro2	+	+	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
NHgo1	-	-	+	-	-	-	-	+	+	+	-	-	+	-	+
NHgo2	+	-	+	-	-	+	-	+	-	+	-	-	+	-	-
NPue1	-	-	+	-	-	-	+	+	-	+	-	-	+	-	-
NPue2	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-
NSLP	+	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	+	-	+
NVer1	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+
NVer2	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-
NVer3	+	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	+
NVer4	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	+	-

+ Estadísticamente diferentes (p<0.05)  
- Estadísticamente similares (p>0.5)  
  Poblaciones mayas  
  Poblaciones de otras filiaciones lingüísticas (yuto-azteca y otomangue)

Tabla 10.2 Valores de probabilidad del test exacto de Fisher de las poblaciones indígenas mexicanas (continuación)

Test Exacto de Fisher (continuación 2)															
	p-NXal	p-Tet	NCDMX1	NCDMX2	NGro1	NGro2	NHgo1	NHgo2	NPue1	NPue2	NSLP	NVer1	NVer2	NVer3	NVer4
p-MBon	0.6654	0.7297	0.7248	0.2714	0.4344	0.2589	0.7877	0.4475	0.8694	0.5236	0.1687	0.5638	0.3193	0.2059	0.7131
p-MPal	0.2657	0.3854	0.0239	0.0421	0.0037	0.0441	0.0274	0.0466	0.2005	0.1452	0.1939	0.0016	0.0027	0.0060	0.0179
P-MTab	0.0460	0.0988	0.0009	0.0013	0.0000	0.0015	0.0003	0.0004	0.0109	0.0140	0.0302	0.0000	0.0000	0.0001	0.0004
p-MRey	0.3189	0.5636	0.1377	0.1393	0.0321	0.1040	0.2426	0.1578	0.3196	0.4677	0.6734	0.0201	0.0096	0.0431	0.0307
p-MXcaret	0.0725	0.5836	0.1893	0.0011	0.0083	0.0010	0.3878	0.0083	0.1288	0.0836	0.0277	0.0643	0.0004	0.0016	0.0218
p-MXcam	1.0000	1.0000	1.0000	0.6557	1.0000	0.6744	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.5749	1.0000
p-MCop	0.0001	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0003	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
c-MXca	0.4335	0.6415	0.0338	0.0104	0.0031	0.0237	0.0138	0.0213	0.3818	0.1325	0.0662	0.0034	0.0039	0.0013	0.0902
Chol	0.3777	1.0000	0.4578	0.0918	0.1144	0.0628	0.6383	0.2155	0.5740	0.5039	0.1846	0.0844	0.0175	0.0527	0.1795
Chor	0.0010	0.0941	0.0004	0.0000	0.0000	0.0000	0.0001	0.0000	0.0000	0.0006	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Itza	0.0845	0.2116	0.2291	0.0065	0.0941	0.0071	0.3786	0.0707	0.2000	0.1011	0.0127	0.3956	0.0137	0.0066	0.2416
Laca	0.0000	0.0001	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0003	0.0000	0.0000	0.0000
MCam	0.6680	0.6100	0.3709	0.1841	0.0520	0.1163	0.1237	0.4012	0.7993	0.8936	0.5456	0.0403	0.0063	0.0517	0.0158
MQui1	0.1704	0.7440	0.1779	0.0001	0.0048	0.0005	0.0247	0.0007	0.0840	0.1241	0.0212	0.0718	0.0002	0.0002	0.0515
MQui2	0.1930	0.8295	0.2303	0.0016	0.0106	0.0024	0.1295	0.0160	0.2686	0.1845	0.0359	0.0918	0.0011	0.0008	0.0992
MQui3	0.4194	0.6522	0.5361	0.0671	0.0439	0.0277	0.1771	0.2066	0.5220	0.9711	0.5157	0.0665	0.0010	0.0299	0.0062
MYuc1	0.0190	0.2996	0.0423	0.0000	0.0001	0.0000	0.0012	0.0000	0.0002	0.0061	0.0011	0.0255	0.0000	0.0000	0.0031
MYuc2	0.9221	0.2425	0.1487	0.4707	0.0721	0.4742	0.1042	0.2845	0.7548	0.5333	0.6881	0.0199	0.0353	0.1465	0.0187
MYuc3	0.7789	0.6276	0.3574	0.1366	0.0790	0.1635	0.1504	0.3784	0.9763	0.6662	0.3159	0.0745	0.0223	0.0346	0.0843
Poqo	0.0120	0.4699	0.1543	0.0000	0.0006	0.0000	0.0730	0.0001	0.0052	0.0539	0.0172	0.0226	0.0000	0.0001	0.0006
Tenek	0.0586	0.0693	0.9538	0.0271	0.1449	0.0034	0.5271	0.1649	0.0292	0.4604	0.1986	0.1639	0.0001	0.1343	0.0002
Tojo	0.0041	0.0000	0.0000	0.0001	0.0000	0.0062	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0020	0.0002	0.0000
Tzel	0.8599	0.4969	0.1273	0.1199	0.0291	0.2077	0.0287	0.1908	0.8644	0.4112	0.2630	0.0207	0.0313	0.0188	0.0912
Tzol	0.3174	0.0214	0.0033	0.1173	0.0005	0.0871	0.0000	0.0021	0.0068	0.0909	0.4233	0.0001	0.0002	0.0130	0.0001
p-Cho	0.4579	0.7693	0.4774	0.0978	0.3756	0.1131	0.6288	0.2380	0.5962	0.3872	0.0802	0.5692	0.1551	0.0496	0.7537
p-Teo	0.7643	0.3611	0.2067	0.5146	0.0633	0.3900	0.1107	0.5159	0.8120	0.7655	0.6882	0.0165	0.0222	0.1187	0.0184
p-OXal	0.2259	0.0027	0.0006	0.0248	0.0033	0.2554	0.0001	0.0072	0.0282	0.0029	0.0041	0.0008	0.2221	0.0037	0.0193
c-Mix	0.5760	0.2273	0.2326	0.6141	0.0749	0.3208	0.0862	0.6281	0.5292	0.7926	0.7897	0.0176	0.0089	0.2096	0.0033
p-Azt	1.0000	0.1131	0.0464	0.0465	0.0563	0.3031	0.0046	0.0777	0.5601	0.0863	0.0307	0.0430	0.3083	0.0082	0.4620
p-NXal	-	0.2509	0.1351	0.4010	0.1787	0.8124	0.1048	0.4804	0.8931	0.3688	0.8124	0.2231	0.0655	0.4232	0.2771
p-Tet	-	-	0.2261	0.0146	0.0102	0.0081	0.2171	0.0551	0.4207	0.4672	0.1821	0.0192	0.0007	0.0041	0.0284
NCDMX1	-	-	-	0.0531	0.1982	0.0178	0.8940	0.3521	0.2815	0.6641	0.2152	0.2625	0.0015	0.1023	0.0036
NCDMX2	-	+	-	-	0.1427	0.6186	0.0046	0.6589	0.0660	0.2335	0.3158	0.0099	0.0152	0.6329	0.0004
NGro1	-	+	-	-	-	0.1191	0.1229	0.5083	0.0789	0.0971	0.0247	0.4696	0.0618	0.3095	0.0078
NGro2	-	+	+	-	-	-	0.0012	0.3036	0.1419	0.0688	0.0746	0.0079	0.2535	0.1815	0.0090
NHgo1	-	-	-	+	-	+	0.0110	0.0528	0.4204	0.2376	0.3992	0.0000	0.0527	0.0005	0.0005
NHgo2	-	-	-	-	-	-	+	0.0894	0.5451	0.3013	0.1088	0.0088	0.4699	0.0013	0.0013
NPue1	-	-	-	-	-	-	-	-	0.5321	0.2364	0.0874	0.0201	0.0281	0.0631	0.0631
NPue2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.7799	0.0764	0.0022	0.1136	0.0041	0.0041
NSLP	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	0.0112	0.0010	0.1640	0.0006
NVer1	-	+	-	+	-	+	-	-	-	-	+	-	0.0190	0.0167	0.0312
NVer2	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	-	0.0052	0.0913
NVer3	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	0.0001
NVer4	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-

+ Estadísticamente diferentes (p<0.05)  
- Estadísticamente similares (p>0.5)  
  Poblaciones mayas  
  Poblaciones de otras filiaciones lingüísticas (yuto-azteca y otomange)

### 4.3 Análisis de Componentes Principales (ACP)

La Tabla 11 muestra los resultados del análisis de componentes principales utilizando las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales. En él se muestra los valores de los componentes principales 1, 2, 3, 4 y 5, derivados de las cinco variables (haplogrupos mtDNA y el grupo otro). La Tabla 11 muestra el porcentaje de la variabilidad de los componentes y el acumulado de cada uno de ellos. La variabilidad acumulada del componente 1 y 2 representa el 68.25% de la variabilidad total.

Tabla 11. Valores de los componentes principales

	CP 1	CP2	CP3	CP4	CP5
Desviación estándar	1.4446	1.1513	0.9843	0.7865	0.01646
Variabilidad	0.4174	0.2651	0.1938	0.1237	0.00005
Variabilidad acumulada	0.4174	0.6825	0.8762	1	1

La figura 9 del ACP muestra lo siguiente:

- La gran mayoría de las poblaciones mayas modernas se posicionan sobre la línea de tendencia del haplogrupo A.
- La gran mayoría de las poblaciones nahuas se posicionan entre las líneas de tendencia de los haplogrupos B y D.
- Las poblaciones antiguas de Palenque, Chiapas, la de Tabasco y Copan, Honduras se posicionan sobre la línea de tendencia del haplogrupo C.
- La población teenek se encuentra en una zona de *transición* entre el área de tendencia del haplogrupo A y B.
- La población tojolabal es la única población maya actual que no se encuentra sobre la línea de tendencia del haplogrupo A.

- Las poblaciones otomangués se posicionan junto a los nahuas sobre las líneas de tendencia de los haplogrupos B y D.
- La población maya moderna chorti se encuentra sobre la línea de tendencia de *otros* debido a que tres individuos no presentaron ninguno de los haplogrupos mitocondriales A, B, C y D.

Se realizó otro ACP sin la variable “Otros” (Figura 10) en la que las posiciones de las poblaciones con respecto a la figura 9 no cambian, por ejemplo, los teenek, pocas poblaciones cambiaron de ubicación como la nahua de Hidalgo (NHgo1), que está más cercana a las poblaciones nahuas de CDMX1 y teenek.

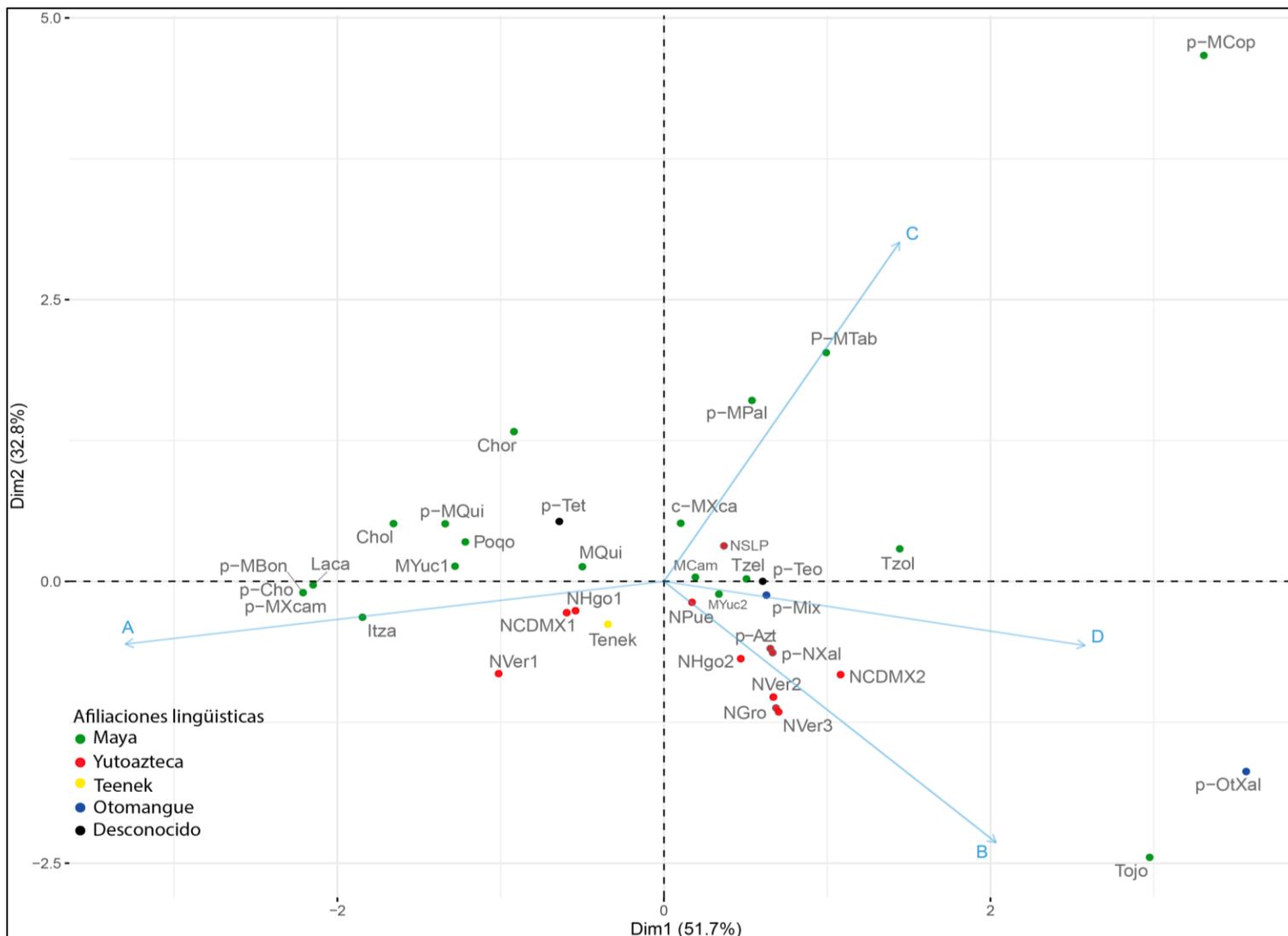
Además, se realizaron dos análisis de componentes principales, uno de ellos incluye a la población teenek y las poblaciones actuales, y los teenek y las poblaciones antiguas.

*Tabla 12. Valores de los componentes principales de cada uno de los componentes principales a partir de poblaciones actuales y teenek.*

	CP 1	CP2	CP3	CP4	CP5
Desviación estándar	1.522	1.1328	0.9842	0.65773	0.02105
Variabilidad	0.463	0.2567	0.1937	0.08652	0.00009
Variabilidad acumulada	0.463	0.7197	0.9134	0.99991	1



Figura 10. ACP-Biplot de las poblaciones indígenas de México sin la variable "Otros".



En la figura 11 se encuentra la representación gráfica de los valores de los componentes principales de la Tabla 12. Sus dos primeros componentes acumulan el 71.97% de toda la variabilidad, por lo que el gráfico en dos dimensiones tiene un alto grado de confiabilidad.

El gráfico muestra que:

- Las poblaciones más cercanas a los teenek son los mayas modernos de Quintana Roo y los nahuas de la CDMX 1.
- Las poblaciones mayas modernas se distribuyen principalmente en la línea de tendencia del haplogrupo A, y entre las líneas de tendencia de los haplogrupos C y D.
- Las poblaciones nahuas de Guerrero, Hidalgo 2, Veracruz 3 y CDMX 2 se agrupan sobre la línea de tendencia del haplogrupo B.
- Las poblaciones nahuas modernas se encuentran sobre dos distintas líneas de tendencia. Las poblaciones de San Luis Potosí, Puebla e Hidalgo 1 se agrupan sobre la línea de tendencia del haplogrupo C. Mientras que las poblaciones de Hidalgo 2, CDMX 2, Veracruz 3 y Guerrero se encuentran sobre la línea de tendencia del haplogrupo B.

Similar al anterior ACP, se realizó otro que no incluye a la variable “Otros”. En este gráfico (figura 12) las posiciones de NHgo1, NVer2 y NSLP se modificaron con respecto a la figura anterior, sugiriendo que la variable “Otros” en estas tres poblaciones influye en su relación con las poblaciones.

Figura 11. ACP- Biplot de poblaciones indígenas modernas de México.

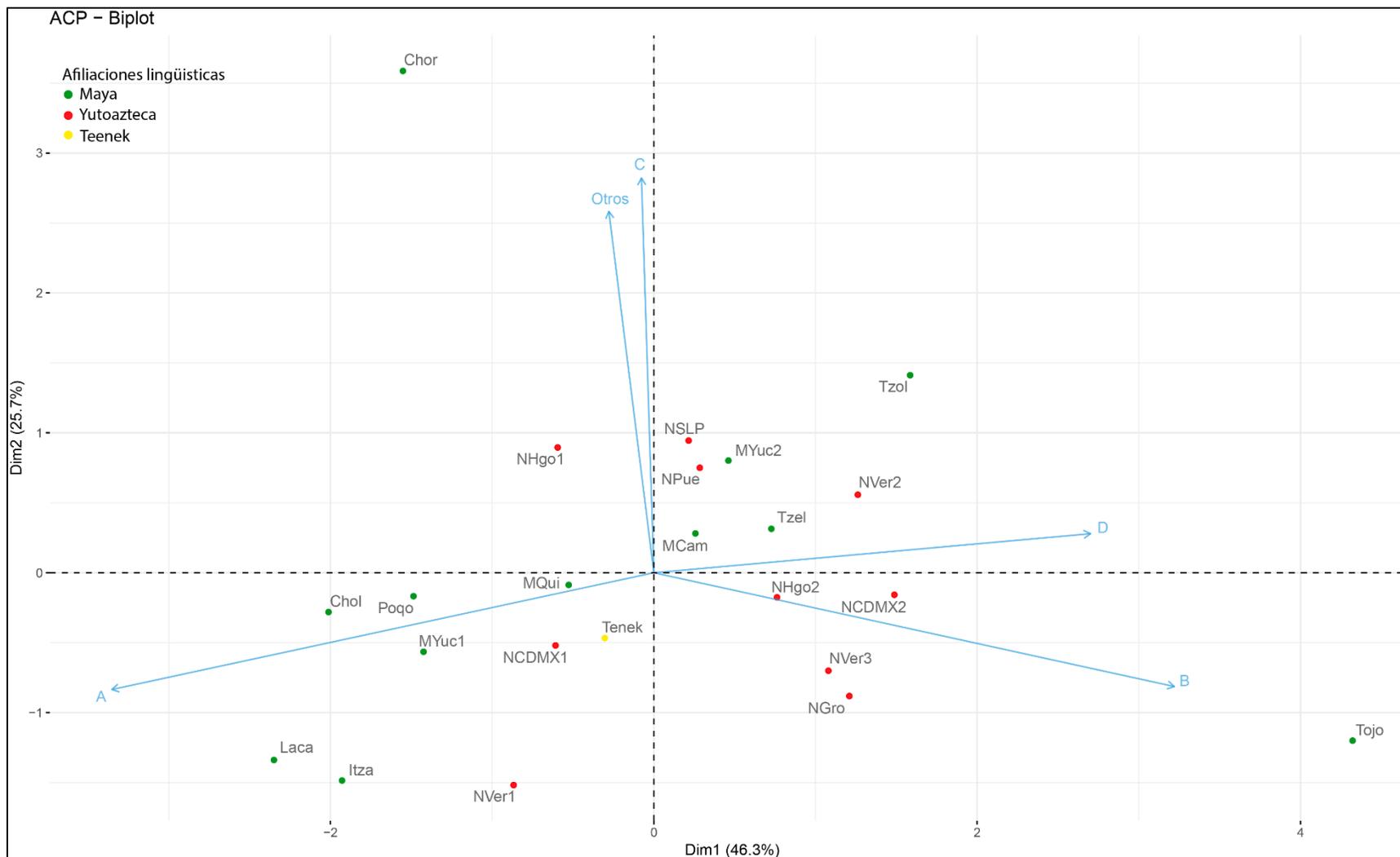
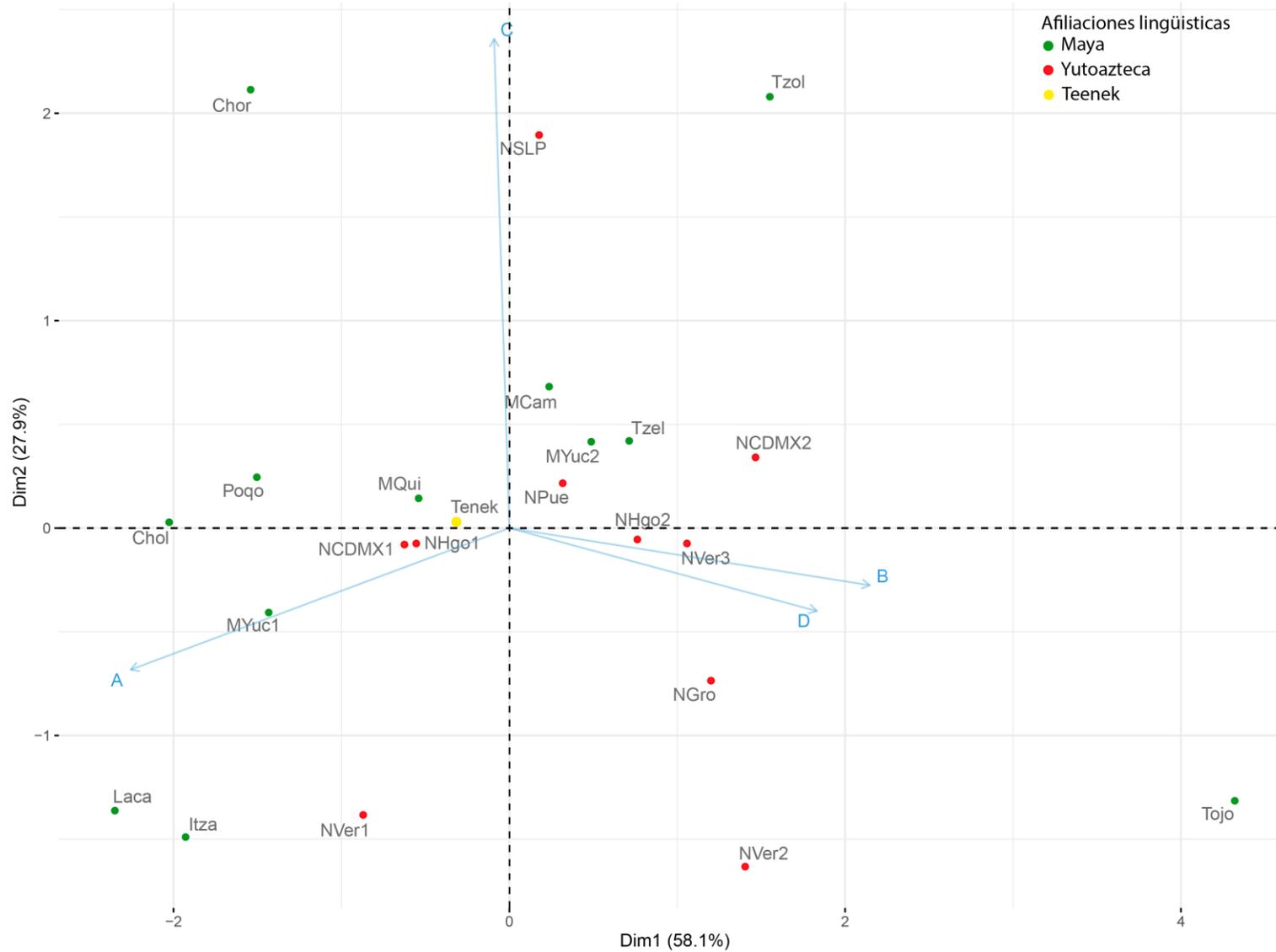


Figura 12. ACP- Biplot de poblaciones indígenas modernas de México sin variable "Otros".



La Tabla 13 muestra los valores de los componentes principales del análisis hecho con poblaciones prehispánicas y teenek. En la figura 13 se representa gráficamente a las poblaciones antiguas de México y los teenek de San Luis Potosí. Los dos primeros componentes principales reúnen el 73.7% de la variabilidad, por lo que el gráfico en dos dimensiones tiene un alto nivel de confiabilidad.

*Tabla 13. Valores de los componentes principales de las poblaciones prehispánicas y teenek*

	CP 1	CP2	CP3	CP4	CP5
Desviación estándar	1.4722	1.2326	0.9455	0.64779	6.44E-10
Variabilidad	0.4335	0.3038	0.1788	0.08393	0.00E+00
Variabilidad acumulada	0.4335	0.7373	0.9161	1	1.00E+00

En el gráfico se destacan lo siguiente:

- La población teenek no parece tener cercanía evidente con ningún grupo prehispánico. Las poblaciones más cercanas son los nahuas de Tetetzontlilco y los de Tlatelolco.
- Las poblaciones mayas antiguas se distribuyen en las líneas de tendencia de los haplogrupos A y C. A diferencia de las poblaciones de mayas modernos que se encuentran entre las líneas de tendencia del haplogrupo A, C y D.
- Las poblaciones nahuas de Tlatelolco, los otomíes de Xaltocan, los mixtecos de Oaxaca, y la población nahua de Teopancazco, Estado de México, se encuentran agrupadas en una zona, sobre la línea de tendencia del haplogrupo B.

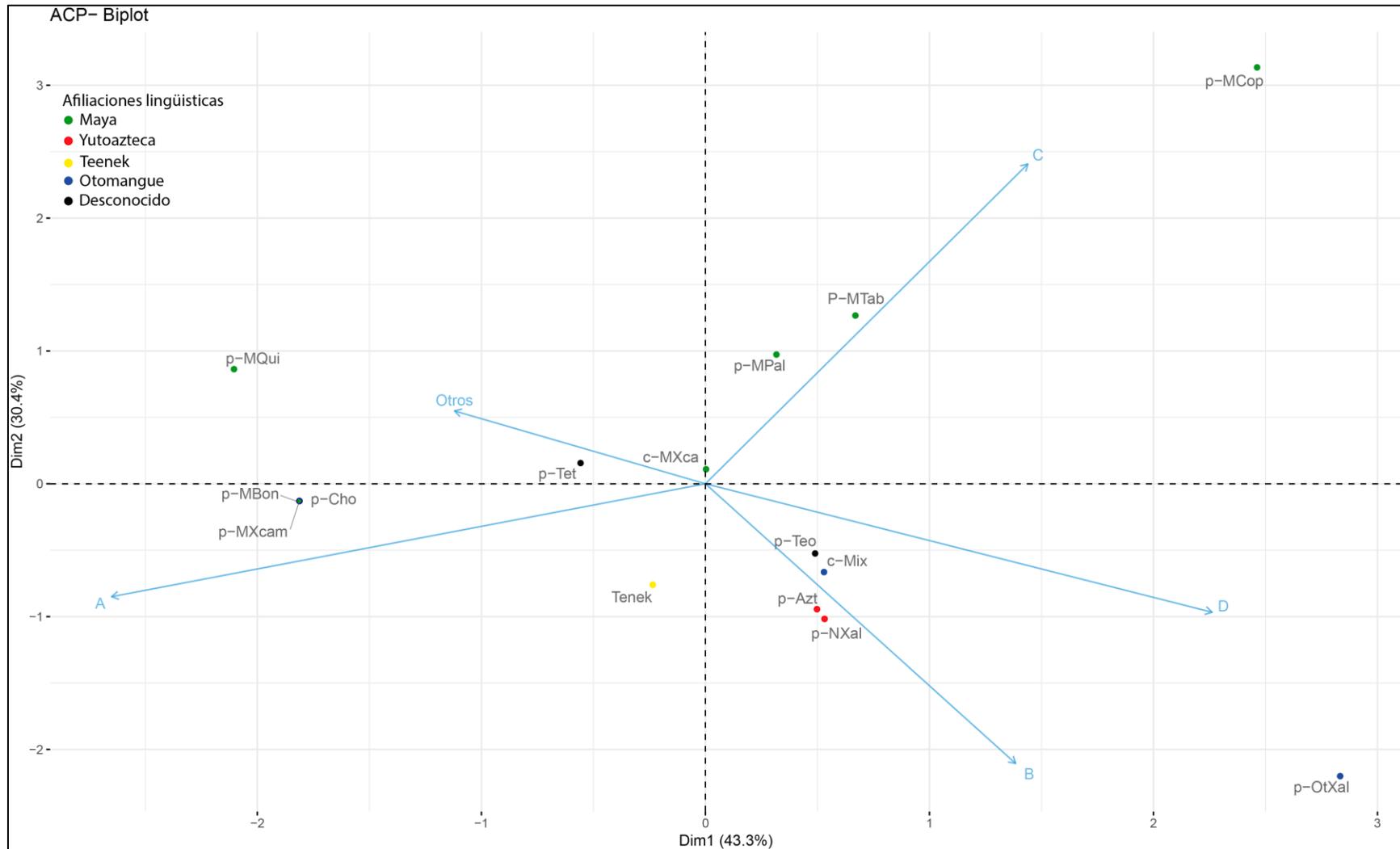


Figura 13. ACP-Biplot de poblaciones prehispánicas indígenas de México y teenek.

#### 4.4 Análisis de Genética de Poblaciones.

Se realizaron dos test de AMOVA. El primer test se realizó sin grupos prehispánicos contando sólo con poblaciones modernas y dos familias lingüísticas: maya y yutoazteca (náhuatl). Los resultados de la Tabla 14 muestran que la mayor variación genética ocurre dentro de las poblaciones (91.83%). La varianza entre poblaciones dentro de los grupos (7.75%) y entre los grupos (0.42%) es mucho más bajo. El resultado de FSC (0.00418) con  $p < 0.05$  indica que no hay estructura poblacional, es decir, aunque las dos familias lingüísticas muestran una variación genética del 7.75%, esta variación no está relacionada con la filiación lingüística. Los resultados de la Tabla 15 fueron realizados con 4 familias lingüísticas: otomangue, yutoazteca, maya y tres grupos prehispánicos de lengua desconocida. De igual manera, la varianza más alta se encuentra dentro de las poblaciones (91.61%). La varianza entre las poblaciones dentro de los grupos es pequeña (8.27%) y entre los grupos (0.12%) es mucho más baja. El resultado de FSC (0.00122) con  $p < 0.05$ , indica que no existe estructura poblacional.

La población moderna con más diversidad genética es la tzoltzil con 0.70 y la población antigua más diversa son los otomí de Xaltocan con 0.73. La diversidad genética de los teenek es de  $0.4858 \pm 0.0522$ . El promedio de la diversidad genética en las poblaciones mayas es de  $0.44732 \pm 0.0178$ . El promedio de la diversidad genética de las poblaciones yutoaztecas es de  $0.5587 \pm 0.0149$ . La  $F_{ST}$  de las poblaciones es más alta en las poblaciones nahuas ( $F_{ST} = 0.55867$ ) que en las poblaciones mayas ( $F_{ST} = 0.47323$ ), representando más distancia genética entre las poblaciones nahuas que las poblaciones mayas.

La Tabla 17 muestra los valores de  $F_{ST}$  entre las poblaciones. Los valores  $F_{ST}$  que son significativos están marcados en color rojo. Los choles y los lacandones son las poblaciones

mayas con mayor distancia genética con los teenek: 0.16 y 0.15 respectivamente; por el contrario, las poblaciones nahuas modernas muestran una cercanía genética mayor con los teenek.

*Tabla 14. Análisis de Varianza Molecular sin grupos prehispánicos*

Lingüístico (sin grupos prehispánicos)							
Fuente de Variación	D.F.	Sum. Cuad.	Var.Comp.	Por.Var.	Valor de índices	Significancia	
Entre los grupos	1	3.569	0.00111 Va	0.42	FCT	0.07787	p>0.05
Entre las poblaciones dentro de los grupos	21	37.749	0.02066 Vb	7.75	FST	0.08173	p<0.05
Dentro de las poblaciones	1779	435.276	0.24467 Vc	91.83	FSC	0.00418	p<0.05
Total	1081	476.594	0.26645				

*Tabla 15. Análisis de Varianza Molecular con grupos prehispánicos.*

Lingüístico							
Fuente de Variación	D.F.	Sum. Cuad.	Var.Comp.	Por.Var.	Valor de índices	Significancia	
Entre los grupos	3	4.833	0.00033 Va	0.12	FCT	0.0828	p>0.05
Entre las poblaciones dentro de los grupos	33	48.238	0.02227 Vb	8.27	FST	0.08391	p<0.05
Dentro de las poblaciones	2031	501.122	0.24674 Vc	91.61	FSC	0.00122	p<0.05
Total	2067	554.194	0.26934				

Tabla 16. Valores de diversidad genética.

Población	Diversidad genética	Fst
p-MBon	0.0000 ± 0.0000	0.0000
p-MPal	0.6389 ± 0.1258	0.6389
P-MTab	0.6324 ± 0.0661	0.6324
p-MQui	0.3419 ± 0.1016	0.3419
p-MXcam	0.0000 ± 0.0000	0.0000
p-MCop	0.2222 ± 0.1662	0.2222
c-MXca	0.5326 ± 0.1048	0.5326
Chol	0.2222 ± 0.1662	0.2222
Chor	0.4524 ± 0.0611	0.4524
Itza	0.1176 ± 0.1012	0.1177
Laca	0.0247 ± 0.0239	0.0247
MCam	0.5754 ± 0.0642	0.5754
MQui	0.4420 ± 0.0405	0.4420
MYuc1	0.2738 ± 0.0506	0.2738
MYuc2	0.5966 ± 0.0559	0.5966
Poqo	0.3212 ± 0.0689	0.3212
<b>Tenek</b>	<b>0.4858 ± 0.0522</b>	<b>0.4858</b>
Tojo	0.5779 ± 0.0428	0.5779
Tzel	0.6034 ± 0.0786	0.6034
Tzol	0.7062 ± 0.0233	0.7062
p-Cho	0.0000 ± 0.0000	0.0000
p-Teo	0.6404 ± 0.0738	0.6404
p-OtXal	0.7333 ± 0.0764	0.7333
c-Mix	0.6366 ± 0.0565	0.6366
p-Azt	0.5736 ± 0.0775	0.5736
p-NXal	0.6190 ± 0.1196	0.6191
p-Tet	0.4437 ± 0.0999	0.4437
NCDMX1	0.4474 ± 0.0786	0.4474
NCDMX2	0.6423 ± 0.0365	0.6423
NGro	0.5790 ± 0.0375	0.6423
NHgo1	0.4809 ± 0.0458	0.4809
NHgo2	0.5847 ± 0.0276	0.5847
Npue	0.5695 ± 0.0369	0.5695
NSLP	0.6277 ± 0.0649	0.6277
NVer1	0.3226 ± 0.0882	0.3226
NVer2	0.5686 ± 0.0481	0.5686
NVer3	0.5811 ± 0.0425	0.5811

	p-MBon	p-MPal	P-MTab	p-MQui	p-MXcam	p-MCop	c-MXca	Chol	Chor	Itza	Laca	MCam	MQui	MYuc1	MYuc2	Poqo	Tenek	Tojo
p-MBon		0.60678	0.32814	0.1431	0.3706	0.11661	0.24867	0.03498	0.11682	0.27824	0.06224	0.25866	0.22217	0.24386	0.47157	0.31651	0.38145	0.78704
p-MPal	+		0.20805	0.39482	0.12958	0.3312	0.36771	0.42488	0.39983	0.21219	0.45713	0.19628	0.23718	0.32121	0.15925	0.19996	0.15	0.05548
P-MTab	+	+		0.03962	0.02157	0.00824	0.03198	0.1162	0.05421	-0.0205	0.09217	-0.01946	0.00595	-0.00198	-0.04152	-0.01878	-0.01107	0.09712
p-MQui	-	+	-		0.14797	-0.01508	0.00163	-0.02478	-0.05064	0.03754	-0.05192	0.04591	0.03808	-0.03171	0.05833	0.05284	0.09028	0.33883
p-MXcam	+	+	-	+		0.11156	0.10011	0.21721	0.15863	0.0267	0.21817	0.02561	0.06876	0.08231	0.01317	0.04865	-0.00062	0.06355
p-MCop	+	+	-	-	+		0.02402	0.04151	0.00337	0.00907	0.01788	0.01597	0.0142	-0.0154	0.00454	0.0185	0.04747	0.25628
c-MXca	+	+	-	-	+	+		0.11165	0.02783	0.03141	0.06534	0.04087	0.05987	-0.0082	0.06001	0.07083	0.06646	0.29783
Chol	-	+	+	-	+	-	+		0.0178	0.10538	-0.0026	0.10627	0.08116	0.06014	0.13994	0.1079	0.16203	0.45885
Chor	+	+	+	-	+	-	-	-		0.04584	-0.00538	0.0548	0.03908	-0.01088	0.06929	0.06919	0.09973	0.37935
Itza	+	+	-	-	+	-	-	+	+		0.08418	-0.01626	-0.00348	-0.00165	-0.03171	-0.00485	-0.01234	0.13374
Laca	+	+	+	-	+	+	+	-	-	+		0.09079	0.0686	0.01361	0.10658	0.09553	0.15456	0.43975
MCam	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	+		0.00096	0.00692	-0.03472	-0.00811	-0.01156	0.11322
MQui	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	+	-		0.01165	-0.01445	0.0144	0.00798	0.20414
MYuc1	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-		0.00544	0.0188	0.03333	0.24703
MYuc2	+	+	-	-	-	-	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-0.04644	-0.02733	0.04663
Poqo	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	0.00751	0.07979
Tenek	+	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	0.0905
Tojo	+	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-
Tzel	+	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-
Tzol	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
p-Cho	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
p-Teo	+	+	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+
p-OtXal	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
c-Mix	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
p-Azt	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	+
p-NXal	+	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	-	+	-	-	+	-	+
p-Tet	+	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-
NCDMX1	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+
NCDMX2	+	+	-	+	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	-	-
NGro	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-
NHgo1	+	+	-	-	+	-	+	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+
NHgo2	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	-	+	-	-	-	+
Npue	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+
NSLP	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-
NVer1	+	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+
NVer2	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-
NVer3	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	-	+	-	+	-	-

Tabla 17. Matriz de distancias Fst. Las abreviaturas corresponden a las poblaciones de la tabla 8.

	Tzel	Tzol	p-Cho	p-Teo	p-OtXal	c-Mix	p-Azt	p-NXal	p-Tet	NCDMX1	NCDMX2	NGro	NHgo1	NHgo2	Npue	NVer2	NVer3
p-MBon	0.4085	-0.07639	-0.11073	0.33114	0.95355	-0.3332	0.1638	0.63151	0.64463	0.23779	0.41025	0.31149	0.16093	0.23145	0.18341	0.24603	0.49449
p-MPal	0.16594	0.43813	0.42179	0.28715	0.50972	0.35354	0.37995	0.30358	0.28603	0.26733	0.08046	0.11979	0.26841	0.14711	0.211	0.18904	0.084
P-MTab	-0.02457	0.10937	0.07732	-0.02224	0.44838	-0.08913	0.03984	0.04366	-0.02224	0.00503	0.02874	0.0179	0.00651	0.00594	-0.01317	0.00263	0.04853
p-MQui	0.07227	-0.03067	-0.07784	0.00077	0.75342	-0.3211	-0.06063	0.16437	0.08224	0.00948	0.15997	0.12123	0.01542	0.09172	0.03869	0.07457	0.18547
p-MXcam	-0.00328	0.22	0.19722	0.05421	0.29361	0.07745	0.13801	0.027	-0.00049	0.0812	0.01246	0.04273	0.08524	0.03406	0.04218	0.07107	0.03534
p-MCop	0.02944	0.04001	0.01179	-0.00696	0.55693	-0.16254	-0.00243	0.13127	0.0399	-0.00165	0.11023	0.07229	0.00545	0.04967	0.01356	0.04209	0.12333
c-MXca	0.04753	0.09572	0.06654	-0.0006	0.50573	-0.09615	0.00648	0.05748	-0.01821	0.04524	0.1414	0.12762	0.04378	0.09065	0.04217	0.09996	0.17088
Chol	0.15569	-0.06428	-0.10211	0.10235	0.84524	-0.33007	0.02315	0.32686	0.27952	0.05825	0.21083	0.15317	0.05815	0.12794	0.08821	0.10669	0.2367
Chor	0.08426	0.01104	-0.0204	0.02398	0.66443	-0.21045	-0.02119	0.19975	0.10401	0.01458	0.16708	0.12127	0.02249	0.08752	0.04409	0.08748	0.18919
Itza	-0.02262	0.10549	0.07611	-0.00865	0.45562	-0.08471	0.03565	0.0599	-0.00648	-0.00354	0.02586	0.01607	-0.00003	0.00258	-0.01129	0.01628	0.03849
Laca	0.13778	-0.01361	-0.04488	0.05278	0.71393	-0.24129	-0.00978	0.27811	0.17362	0.03933	0.22465	0.15962	0.04427	0.11885	0.07008	0.10802	0.24964
MCam	-0.02144	0.10771	0.0797	-0.00457	0.44433	-0.07726	0.04342	0.06404	-0.00068	0.00217	0.02184	0.01186	0.00419	0.00144	-0.00983	0.00969	0.03432
MQui	0.00189	0.09242	0.06462	0.0257	0.54131	-0.0955	0.03705	0.14159	0.06572	-0.01474	0.04044	0.0167	-0.00644	0.00647	0.00055	0.02857	0.03823
MYuc1	0.01576	0.0512	0.01698	-0.02412	0.56127	-0.16946	-0.02032	0.08393	-0.00032	-0.00484	0.09736	0.07272	0.00122	0.04672	0.00682	0.04591	0.11878
MYuc2	-0.03799	0.13168	0.08879	-0.01953	0.51098	-0.10014	0.05589	0.07224	0.00179	-0.01113	-0.00297	-0.02178	-0.01003	-0.0232	-0.02977	-0.03432	0.01022
Poqo	-0.00626	0.10484	0.07316	-0.00695	0.50545	-0.0935	0.05664	0.09778	0.0253	0.01252	0.03798	0.01317	0.01414	0.01074	-0.00408	-0.01528	0.05459
Tenek	-0.02866	0.16147	0.13193	0.01973	0.41042	-0.01629	0.08423	0.0549	0.00302	0.01822	-0.00577	0.00111	0.02078	-0.00755	-0.00287	0.02576	0.00461
Tojo	0.08437	0.41843	0.3666	0.15804	0.49068	0.20673	0.34168	0.1639	0.12921	0.23002	0.06636	0.0885	0.2203	0.10996	0.13586	0.07949	0.10638
Tzel	-	0.14903	0.11585	-0.00117	0.41683	-0.0441	0.06774	0.03742	-0.01805	0.00929	-0.00126	0.00169	0.01087	-0.00922	-0.01304	0.01425	0.01351
Tzol	-	-	0	0.08482	0.87453	0	0.01092	0.28738	0.23817	0.06688	0.21897	0.16743	0.06533	0.14261	0.09393	0.11096	0.24485
p-Cho	-	-	-	0.04885	0.85565	0	-0.02355	0.24748	0.18117	0.03536	0.19389	0.14272	0.03771	0.11919	0.06807	0.08403	0.21641
p-Teo	-	-	-	-	0.49829	-0.13349	0.00738	0.03587	-0.04041	0.01428	0.08094	0.06308	0.01508	0.04177	0.00021	0.02191	0.11079
p-OtXal	+	+	+	+	-	0.80978	0.65389	0.26907	0.37723	0.58185	0.42468	0.49273	0.54259	0.46155	0.46056	0.51371	0.49757
c-Mix	-	-	-	-	+	-	-0.22133	0.0992	-0.02349	-0.14027	0.06859	0.00736	-0.12868	-0.01869	-0.08702	-0.06951	0.08838
p-Azt	+	-	-	-	+	-	-	0.15966	0.07026	0.01333	0.15101	0.11388	0.01766	0.08312	0.03664	0.0759	0.17499
p-NXal	-	+	-	-	+	-	+	-	-0.08038	0.14702	0.11635	0.14983	0.14113	0.11842	0.08396	0.1394	0.16632
p-Tet	-	-	-	-	+	-	-	-	-	0.06624	0.07278	0.0906	0.05954	0.05832	0.01479	0.0675	0.11937
NCDMX1	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	0.05898	0.0287	-0.01373	0.01518	-0.00018	0.02802	0.0606
NCDMX2	-	+	-	+	+	-	+	+	-	+	-	-0.00213	0.06307	0.00222	0.03239	0.04623	-0.0158
NGro	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	0.03301	-0.00448	0.01659	0.01661	-0.00597
NHgo1	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	+	+	0.01916	0.00261	0.02839	0.0645	-
NHgo2	-	+	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	-	0.00634	0.02019	0.00213
Npue	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	+	+	-	-	-	0.01248	0.04174
NSLP	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	0.04867	0.01171
NVer1	+	-	-	+	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	-	0.04195	0.10587
NVer2	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	0.05729
NVer3	-	+	-	+	+	-	+	+	-	+	-	-	+	-	+	+	-

Tabla 17.1 Matriz de distancias *Fst* (continuación).

#### 4.5 Análisis de Escalamiento Multidimensional No-Métrico (MDS)

Basados en las distancias genéticas (FST) de cada una de las poblaciones, se realizaron tres gráficos donde se visualiza la posición de los teenek con respecto a todas las poblaciones (Figura 14), poblaciones prehispánicas (Figura 15) y poblaciones modernas (Figura 16).

En la Figura 14 se puede mostrar lo siguiente:

- La población teenek se encuentra en una zona intermedia entre las poblaciones nahuas y mayas.
- La mayoría de las poblaciones mayas se agrupan en una zona del cuadrante 1 y 2.
- Las poblaciones más cercanas a los teenek son los nahuas de CDMX1 e Hidalgo 1.
- Una gran parte de las poblaciones nahuas se encuentra en el cuadrante 1.
- Los lacandones, tojolabal y los mayas prehispánicos de Copán son las poblaciones más alejadas genéticamente.

En la figura 15 se puede resaltar lo siguiente:

- No existe una zona en donde puedan agruparse tanto las poblaciones mayas como las nahuas.
- La población más cercana a los teenek son los nahuas de Teopancazco.

En la Figura 16 se puede resaltar lo siguiente:

- Las poblaciones modernas de mayas se dividen en dos agrupaciones: la primera es la que contiene a los grupos Itzá, Chol, Yucatán 1, Quintana Roo, Chol y Chorti.
- La segunda contiene a las poblaciones de Campeche, Tzeltal y Yucatán 2. Esta agrupación se encuentra embebida entre poblaciones nahuas.

- La población más cercana a los teenek son los nahuas de NPue, CDMX1 y MYuc2. Geográficamente, las dos primeras poblaciones mencionadas son muy cercanas a la región de la Huasteca, donde habitan los teenek.
- Las poblaciones nahuas no parecieran agruparse en una sola región.
- La población tojolabal y lacandona son los grupos más distantes genéticamente.

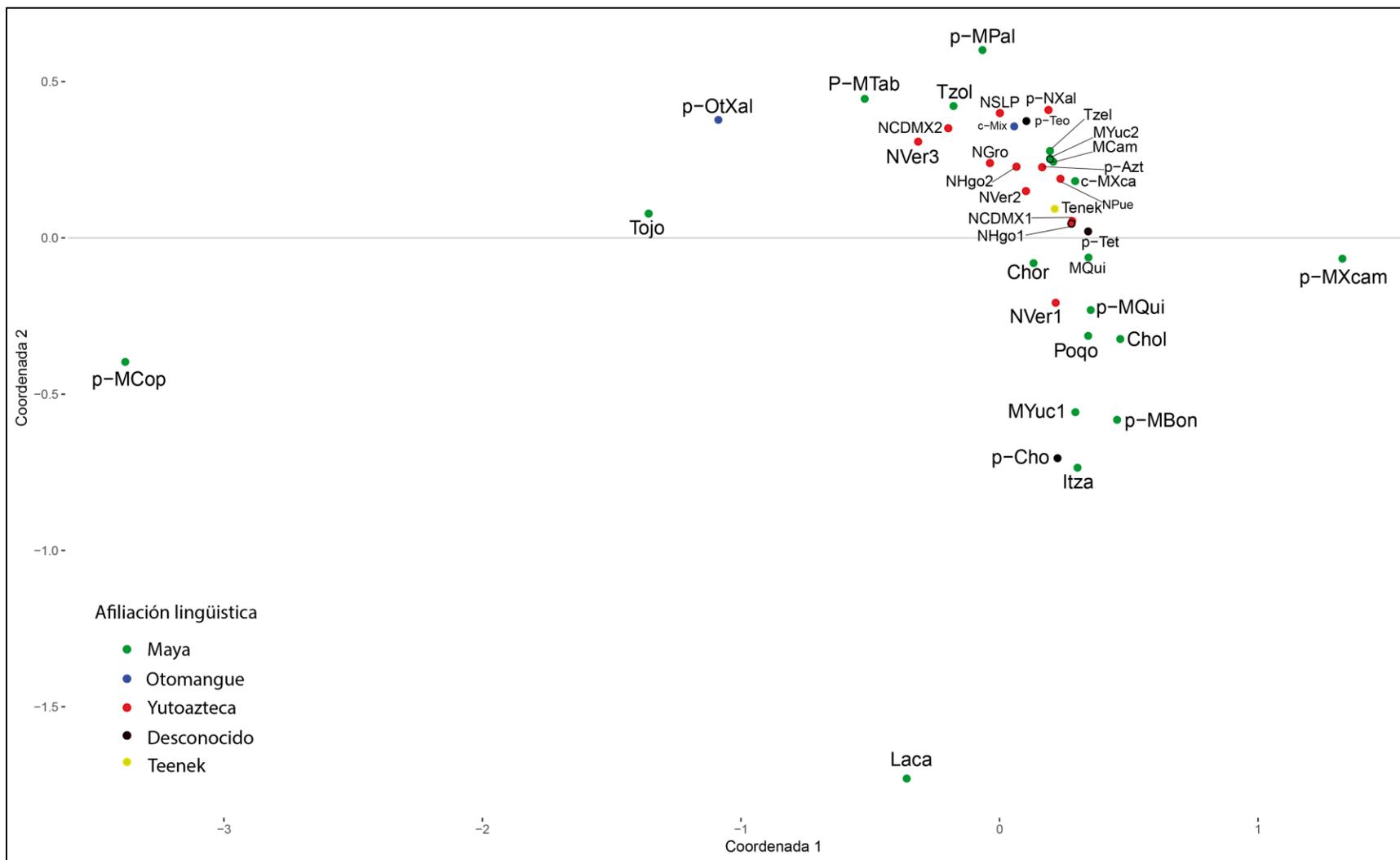


Figura 14. MDS no métrico de las poblaciones indígenas mexicanas. Las abreviaturas corresponden a las poblaciones de la tabla 1.

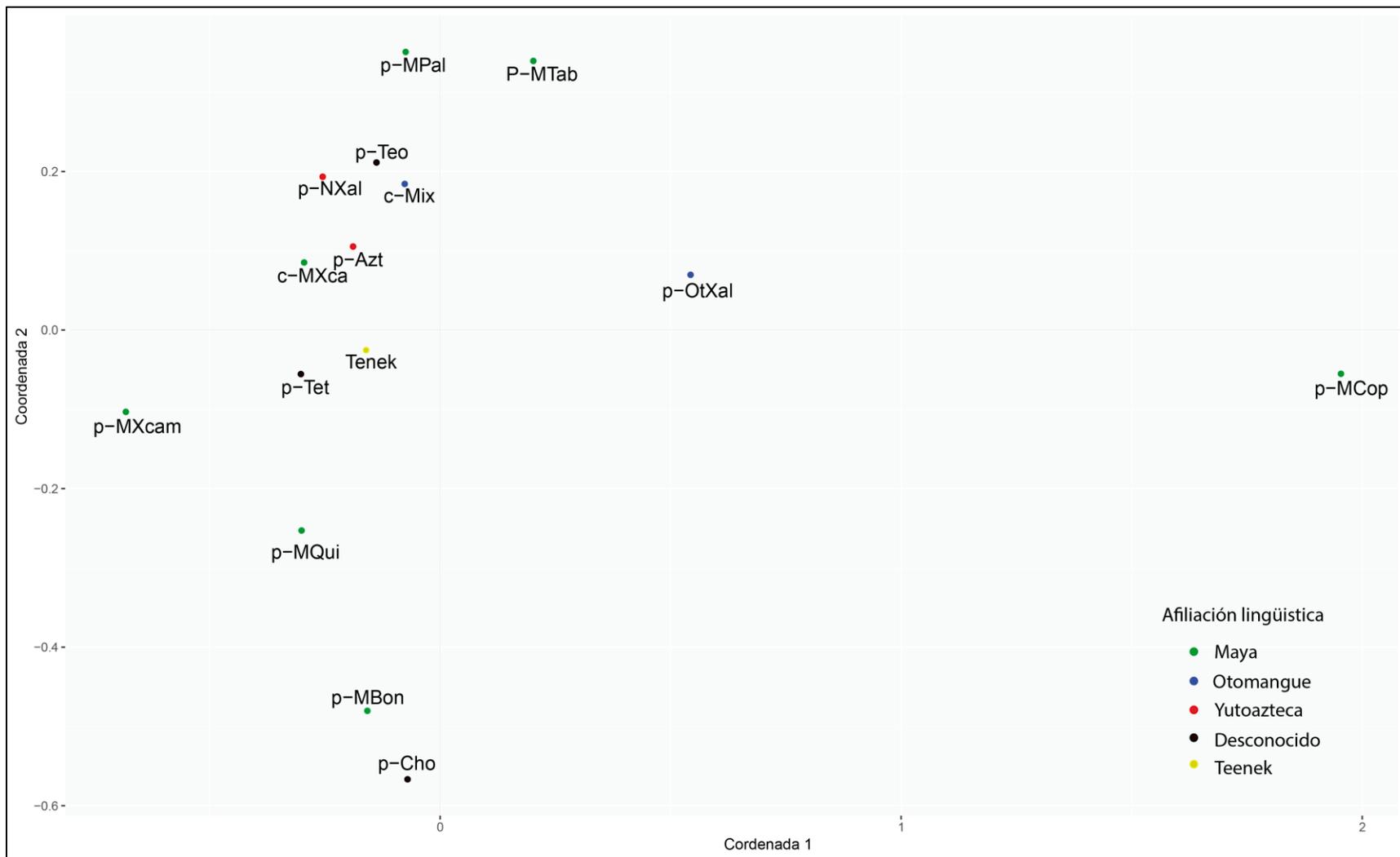


Figura 15. MDS no métrico de poblaciones indígenas prehispánicas y teenek

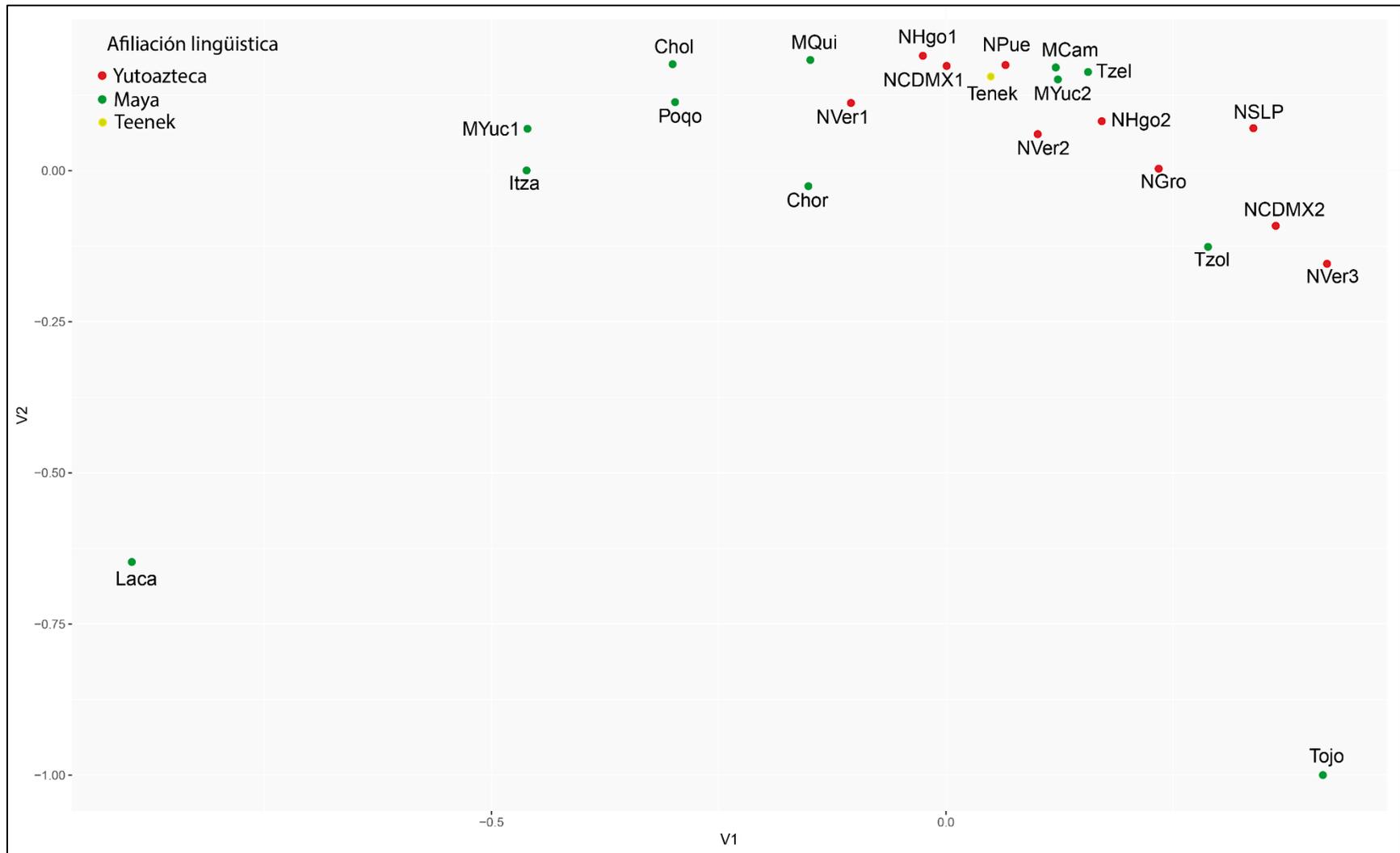


Figura 16. MDS no métrico de poblaciones indígenas modernas y teenek

## 5. Discusión

Los teenek son un pueblo indígena mexicano que ha sido relacionado lingüísticamente con los mayas de la Península de Yucatán. Sin embargo, su posición e importancia histórica, así como el vínculo que guardan con otras poblaciones indígenas alrededor de la región de la Huasteca es desconocida. El objetivo de esta tesis es analizar la relación genética que existe entre los teenek de San Luis Potosí y otras poblaciones indígenas de filiación maya y nahua. Para identificar la relación genética de los grupos descritos, se compararon las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales de las poblaciones indígenas que representan a las familias lingüísticas maya, yutoazteca y otomangue. Sin embargo, los haplogrupos mitocondriales compartidos entre las poblaciones no necesariamente implican una relación de ancestría inmediata, y para ello se recomienda realizar más estudios con los haplotipos mitocondriales. También se calcularon las distancias genéticas a partir de la frecuencia de los haplogrupos para comprender la posición histórica de los teenek más allá del punto de vista de los estudios lingüísticos y arqueológicos. Para observar la relación genética entre poblaciones prehispánicas y contemporáneas, se utilizó la estrategia de comparación temporal y geográfica de los haplogrupos mitocondriales, asumiendo que el patrón de los haplogrupos no ha sufrido cambios radicales en las regiones geográficas que han sido habitadas por el mismo grupo cultural a través del tiempo (González- Oliver, *et al.*, 2018)

La frecuencia de los haplogrupos mitocondriales de los teenek es similar a las frecuencias reportadas en las poblaciones indígenas mexicanas del centro de México. En general, la población mexicana (mestizos e indígenas) se caracterizan por una alta frecuencia de haplogrupo A, seguida de haplogrupo B y en menor proporción C y D (De la Cruz *et al.*, 2008; González-Oliver *et al.*, 2011, 2013; Martínez-Cortés *et al.*, 2013; Ochoa-Lugo *et al.*,

2016, Peñaloza, *et al.*, 2007; Torroni *et al.*, 1992), sin embargo, las poblaciones mayas no muestran este patrón (figura 8). El haplogrupo mitocondrial más frecuente entre los mayas fue A (n=559, 71%), seguido de C (n=114, 14%) y B (n=76, 9%), excepto la población tojolabal, tzeltzal, tzoltzil y teenek. Este patrón de frecuencias en poblaciones mayas ha sido reportado anteriormente en Bravo López (2016), Pérez Martínez (2013) y Pineda Vázquez (2015). Además, los grupos mayas, cuyas muestras pertenecen al periodo del Clásico y Posclásico (Ochoa-Lugo *et al.*, 2016), no presentan el haplogrupo B, mientras que otras muestras que pertenecen al periodo Posclásico (900-1521 d.C.; González-Oliver *et al.*, 2001) sí presentan este haplogrupo (Tabla 9). Es probable que el haplogrupo B haya sido introducido en la población maya en algún punto del Posclásico proveniente de otros grupos del centro de México por conexiones comerciales, ya que este haplogrupo es uno de los más frecuentes en los sitios arqueológicos como Teotihuacán (Álvarez-Sandoval *et al.*, 2015), Xaltocan (Mata-Míguez *et al.*, 2012), Tlatelolco (Kemp *et al.*, 2005; De la Cruz *et al.*, 2008) y Tetetzontlilco (Solórzano, 2006). Otra explicación para la ausencia del haplogrupo B en los individuos analizados por Ochoa-Lugo (2016) es el pequeño número de individuos estudiados por zona arqueológica. La realización de más estudios de mayas de la región ayudará a confirmar cualquiera de estas hipótesis.

Aquellas poblaciones que presentaron individuos clasificados en “Otro” es debido a que no mostraron ninguno de los cuatro haplogrupos mitocondriales A, B, C y D y por lo tanto se desconoce el haplogrupo mitocondrial en ellos. Probablemente, el individuo maya del periodo prehispánico pertenece al haplogrupo X; así como algunos de los indígenas actuales. Sin embargo, la distribución del haplogrupo X sólo se ha documentado en poblaciones indígenas de Norteamérica (Smith, 1999). Por lo que otra probabilidad es que los individuos

modernos presenten un haplogrupo no nativo americano derivado de mezcla reciente. Se requiere identificar el haplogrupo en estos individuos (González-Oliver *et al.*, 2001; 2018)

En esta tesis se identificaron las cercanías genéticas entre los teenek con otras poblaciones indígenas de origen mesoamericano por medio de dos comparaciones: 1) considerando a los cuatro haplogrupos nativo americanos, A, B, C y D, similar a la comparación que se está realizando en la tesis de Avilés Chávez, 2019 con indígenas nahuas actuales desarrollada en el laboratorio Antropología Molecular y 2) considerando cinco grupos, en donde se incluye la variable “Otro”, que representa haplogrupos no nativo americanos derivados de mezcla génica reciente, con base en antecedentes históricos de la literatura para las poblaciones modernas (Gachúz-Maya, 2014; Saavedra-Silva y Sánchez-Salazar, 2008), o que representa el haplogrupo nativo X en muestras antiguas. En la presente tesis se decidió explorar por primera vez, las cercanías genéticas entre poblaciones indígenas actuales de origen mesoamericano que presentan la variable “Otro”, con la finalidad de ubicarlas espacialmente en los gráficos e identificar las similitudes genéticas con las otras poblaciones.

La comparación de las frecuencias con el Test Exacto de Fisher muestra que los teenek son estadísticamente similares ( $p > 0.05$ ) con poblaciones mayas y nahuas. Comparando poblaciones modernas con más de 50 individuos, los teenek no muestran diferencias con las poblaciones mayas de Quintana Roo y Campeche (MQui3, MCam) y dos poblaciones nahuas de Hidalgo (NHgo1 y 2). Mientras que, comparando con poblaciones antiguas con más de cinco individuos, son similares con las poblaciones mayas de Bonampak (p-MBon) y el sitio arqueológico de El Rey, Quintana Roo (p-MRey); y con las nahuas Xaltocan (p-NXal) y Tetetzontlilco, Hidalgo (p-Tet) y los probables nahuas de Cholula, Puebla (p-Cho) y

Teopancazco, Estado de México (p-Teo). Cabe aclarar que el mayor número de similitudes con las poblaciones nahuas antiguas es debido a que existe un número mayor de estudios en la literatura y no es un reflejo directo de una probable ancestría nahua.

En el análisis de componentes principales (Figura 9), se ubicó a la mayoría de las poblaciones mayas en una zona distinta. Esto también ocurre de manera similar en algunas de las poblaciones de filiación nahua. Lo anterior también se puede observar en el MDS, aunque es menos evidente para los nahuas (Figura 14). Ambos análisis sugieren una relación más cercana entre algunas poblaciones del mismo grupo lingüístico que entre poblaciones de distinta familia lingüística en concordancia con la homogeneidad cultural y filiación lingüística (Campbell, 1990). Cabe resaltar, respecto a las poblaciones mayas, que algunas de éstas (prehispánicas y contemporáneas) se encuentran alejadas del cúmulo maya, pero agrupadas entre sí, probablemente debido a que la mayoría son de la región de las Tierras Bajas del Sur de la Península, con excepción de la población contemporánea tojolabal (Tojo) y la prehispánica de Copán (p-MCop) que son las más alejadas, ya que presentan las mayores diferencias genéticas. Por otra parte, el cúmulo nahua que se formó en el ACP (cuadrante dos) y MDS, no contiene a todas las poblaciones de la misma región geográfica, por ejemplo, los nahuas de Veracruz (NVer1), Xochimilco (NCDMX1) y Huautla (NHgo1). Probablemente, los individuos estudiados en las poblaciones Veracruz 1 y Huautla provienen de comunidades geográficamente aisladas de la Huasteca Hidalguense (González-Oliver *et al.*, 2019a). Finalmente, es claro que las poblaciones más distantes (Figura 14) son las contemporáneas lacandonas (Laca) y tojolabal, así como la prehispánica de Copán. Esto podría deberse a que los individuos de las poblaciones modernas habitan en regiones aisladas de la selva lacandona, Chiapas, donde la deriva génica pudo haber tenido un efecto importante en la disminución de las frecuencias de los haplogrupos, aunque cabe aclarar que

el patrón de las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales presentes en ambas poblaciones son muy distintas. Los lacandones se caracterizan por la alta frecuencia del haplogrupo A, en congruencia con las poblaciones mayas de la Península de Yucatán, mientras que los tojolabales presentan un patrón atípico de estas frecuencias (González-Oliver *et al.*, enviado 2019b).

A pesar de las diferencias metodológicas entre el ACP y MDS, ambos sugieren que la población teenek no está claramente relacionada con ninguna de las dos agrupaciones, maya o nahua (Figura 9 y 13). Sin embargo, en ambos análisis hay 6 poblaciones que se mostraron más cercanas a los teenek: nahuas de Xochimilco (NCDMX1), Huautla (NHgo1), Huachinango-Cuetzalan (NPue) e Ixhuatlancillo (NVer2); mayas de Campeche (Mcam) y Quintana Roo (MQui), pero puede considerarse a la población de Xochimilco como los menos distantes de los teenek. Con respecto a las poblaciones prehispánicas (Figura13), la población de Tetetzontlilco (p-Tet) y de Tlatelolco (p-Azt) son las que se encuentran más cercanas a los teenek. A pesar de ello, la cercanía genética con las poblaciones nahuas no es un indicativo de una ancestría nahua. Por lo tanto, se requiere analizar los haplotipos mitocondriales de los teenek para abordar la problemática con relación a su origen. La cercanía teenek con las poblaciones nahuas sugiere flujo génico entre las poblaciones geográficamente cercanas, por ejemplo, Huautla (NHgo1), Ixhuatlancillo (NVer2) y nahuas de Huachinango-Cuetzalan (NPue). En el caso de las poblaciones mayas de Campeche y Quintana Roo, podría representar un antiguo flujo comercial entre la región de la huasteca y el área maya. El contacto entre ambas áreas está registrado desde el Clásico Tardío, por medio del comercio marítimo de la Península de Yucatán controlado por los mayas chontales. Esta vía comercial fue muy importante ya que tuvo una fuerte influencia de la cultura maya en la

región huasteca que está reflejada en su arquitectura (Ochoa, 1989). Resulta interesante que las poblaciones de mayas coloniales de Xcaret (c-MXca), prehispánicas de El Rey-Xcaret (p-MQui) y Xcambo, Yucatán (p-MXcam; Figura 14), fueron mostradas cercanas entre sí con los teenek, siendo estas poblaciones pertenecientes a zonas costeras de la Península de Yucatán, la cuál había sido dominada por el pueblo chontal. Por lo tanto, el contacto e influencia cultural es probable que no se haya limitado a propósitos comerciales, sino que también, a flujo génico entre ambas zonas.

Por otro lado, el flujo génico entre las poblaciones mencionadas queda demostrado en las Tablas 17 y 17.1. Históricamente, la zona de alta montaña de la sierra norte de Puebla ha sido un camino obligado para las poblaciones del centro de México que comerciaban con la región Huasteca (Ariel de Vidas, 2009). Por lo tanto, el contacto dado entre las poblaciones nahuas de Hidalgo (NHgo1), Puebla (NPue) y los teenek permitió el flujo génico que hemos visto hasta ahora. Las poblaciones de otomíes de Xaltocan (p-OtXal) y Copán (p-MCop) son las más distantes de los teenek. Además, aparentemente el número de individuos no interfiere con su ubicación geográfica con respecto a la de los teenek. En el caso de Copán, está caracterizado por C y los otomíes de Xaltocan por A y B; estas diferencias probablemente reflejan una ancestría lejana con los teenek, pero es necesario analizar los haplotipos para poder determinar con mayor precisión las diferencias genéticas entre las tres poblaciones.

Las poblaciones nahuas mostraron la mayor diversidad genética (0.5587) con respecto a las poblaciones mayas (0.4473). Esto podría deberse a que la lengua náhuatl fue utilizada como lengua franca durante el Posclásico asociado al comercio, por lo que las poblaciones la adquirieron, y aunque existen poblaciones que hablan náhuatl, no necesariamente significa que comparten una ancestría en común. A diferencia de las poblaciones mayas que comparten

patrones culturales, lingüístico y genéticos, sugiriendo una continuidad genética por vía materna (González-Oliver *et al.*, 2013; 2019b). Las poblaciones más diversas fueron los mayas tzoltzil, de Chiapas (Tzol) y los nahuas de Actopan, CDMX (NCDMX2) posiblemente por la cercanía en las que se encuentran estas comunidades a las ciudades. Los menos diversos fueron los nahuas de Veracruz (NVer1) y los lacandones (Laca), probablemente debido al aislamiento geográfico; los lacandones encontrándose en la selva lacandona, Chiapas y los nahuas de Veracruz en la Sierra Madre Oriental. El análisis de AMOVA no refleja la diversidad genética asociada con la familia lingüística como se ha reportado en otros estudios con mtDNA en poblaciones indígenas modernas (Sandoval *et al.*, 2009; Kemp *et al.*, 2010).

## 6. Conclusiones

1. Los teenek se caracterizan por una alta frecuencia de haplogrupo A, seguido de B, C y la ausencia del haplogrupo D
2. Las poblaciones mayas se caracterizan por un patrón de frecuencias de haplogrupos distinto; alta frecuencia de A, seguido de C, B y D, propuesto anteriormente por González-Oliver 2001 y 2019b.
3. Las poblaciones nahuas se caracterizan por mostrar una alta frecuencia de A, seguido de B, C y D, similar al que presenta la población teenek, sugiriendo flujo génico entre los nahuas de la Huasteca con los teenek probablemente debido a que comparten territorio.
4. Las poblaciones nahuas presentan la mayor diversidad genética intergrupal que las poblaciones mayas, consistente con su historia.
5. La mayoría de las poblaciones que se agrupan en la misma familia lingüística son genéticamente cercanas, en concordancia con su filiación lingüística y cultural.
6. Este estudio sugiere que la población teenek muestra la misma cercanía genética con poblaciones mayas y nahuas, aunque su patrón de frecuencias de haplogrupos mitocondriales se asemeja al patrón de las poblaciones nahuas, lo que no concuerda con su filiación lingüística. Sin embargo, esta semejanza no implica una ancestría compartida entre los grupos, ya que los haplogrupos no permiten identificarla.
7. El estudio con otros marcadores genéticos, como haplotipos, en la población teenek debe continuarse para identificar con mayor precisión las relaciones genéticas que establecen con las poblaciones de la familia lingüística maya y yutoazteca para profundizar en el entendimiento de su origen.

## Bibliografía Consultada

- Alberts B, Johnson A, Lewis J, et al. (2002). *Molecular Biology of the Cell* (4ta edi.). New York: Garland Science. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21054/>
- Álvarez-Sandoval, B. A., Manzanilla, L. R., González-Ruiz, M., Malgosa, A., & Montiel, R. (2015). Genetic evidence supports the multiethnic character of teopancazco, a neighborhood center of teotihuacan, Mexico (ad 200-600). *PLoS ONE*, 10(7), 1–19. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0132371>
- Anaya JM, Shoenfeld Y, Rojas-Villarraga A, et al., editores. (2013). *Autoimmunity: From Bench to Bedside*. Bogota, Colombia. El Rosario University Press. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK459447/>
- Anderson, S., Bankier, A. T., Barrell, B. G., de Bruijn, M. H. L., Coulson, A. R., Drouin, J., ... Young, I. G. (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290(5806), 457–465. <https://doi.org/10.1038/290457a0>
- Ariel de Vidas, A. (2003). *El trueno ya no vive aquí: representación de la marginalidad y construcción de la identidad teenek. Huasteca veracruzana, México*. Centro de Investigaciones y Estudio Avanzados en Antropología Social. Colegio de San Luis Potosí. Centro de estudios mexicanos y centroamericanos.
- Ariel de Vidas, A. (2009). *Huastecos a pesar de todo: Breve historia del origen de las comunidades teenek (huastecas) de Tantoyuca, norte de Veracruz. Mexique*. Centro de estudios mexicanos y centroamericanos
- Armillas, P. (1969). The Arid Frontier of Mexican Civilization. *New York Academy of Sciences: Transactions* 31, 697-724.
- Barrot, C., Sanchez, C., Ortega, M., Gonzalez-Martin, A., Brand-Casadevall, C., Gorostiza, A., ... Gene, M. (2005). Characterisation of three Amerindian populations from Hidalgo State (Mexico) by 15 STR-PCR polymorphisms. *International Journal of Legal Medicine*, 119(2), 111–115. <https://doi.org/10.1007/s00414-004-0488-6>
- Bermingham, N., & Luettich, K. (2003). Polymerase chain reaction and its applications. *Current Diagnostic Pathology*, 6053. <https://doi.org/10.1016/S0968>
- Bernardino de Sahagún (1540). Historia General de las Cosas de Nueva España por el fray Bernardino de Sahagún: el Códice Florentino. *Biblioteca Laurenciana, Florencia*. Obtenido de <https://www.wdl.org/es/item/10096/#q=florentino&institution=laurentian-library>
- Bravo López, M. (2016). Análisis mitocondrial en mayas contemporáneos y antiguos de Xcaret, Quintana Roo. Tesis de maestría. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Brown, W. M., George, M. J. y Wilson, A. C. (1979). Rapid Evolution of animal mitochondrial DNA. *Genetics*, 76 (4): 1967-1971.
- Brown, W.M. (1980) Polymorphism in mitochondrial DNA of humans as revealed by restriction endonuclease analysis. *Proceedings of the National Academy of Sciences* Jun 1980, 77 (6) 3605-3609.

- Atlas de los Pueblos Indígenas de México. (s.f.). Huastecos. 25 de septiembre del 2018, de Comisión Nacional Para el Desarrollo de los Pueblos Indígenas Sitio web: [http://www.cdi.gob.mx/pueblos\\_mexico/huastecos.pdf](http://www.cdi.gob.mx/pueblos_mexico/huastecos.pdf)
- Callegari-Jacques, S. M., Salzano, F. M., Constans, J., & Maurieres, P. (1993). Gm haplotype distribution in Amerindians: relationship with geography and language. *American Journal of Physical Anthropology*, 90(4), 427–444. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330900404>
- Campbell, L. (1990). “Philological studies and Mayan languages” en Jacek Fisiak (ed.), *Historical linguistics and philology*, Mouton de Gruyter, Berlin, pp. 87-105.
- Campbell, L. (1997). American Indian Languages: The Historical Linguistics of Native America en *Oxford Studies in Anthropological Linguistics*, 4. Oxford Studies in Anthropological Linguistics. Oxford.
- Campbell, L., Kaufman, T. (1985). Mayan Linguistics: Where are we? *Annual Review of Anthropology*, Vol. 14, pp. 187-198.
- Cann, R. L., Brown, W. M., & Wilson, A. C. (1984). Polymorphic sites and the mechanism of evolution in human mitochondrial DNA. *Genetics*, 106(3), 479–499.
- Cann, R. L., y Wilson, A. C. (1983). Length Mutations in Human Mitochondrial DNA. *Genetics*. Recuperado de <http://www.pubmedcentral.gov/articlerender.fcgi?artid=1202135>
- Castillo, Cristobal del (2001). Historia de la venida de los mexicanos y de otros pueblos e Historia de la conquista. CONACULTA. Dirección General de Publicaciones. Distrito Federal. ISBN 9701860497.
- Cavalli-Sforza, L. L., Barrai, I., & Edwards, A. W. (1964). Analysis of Human Evolution Under Random Genetic Drift. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 29, 9–20.
- Cervera, M. A. (2008). *Breve Historia de los Aztecas* (1era. Ed.) Ediciones Nowtilus. Madrid, España.
- Coe, M. D., Kootz, R. (2002). *Mexico: from the Olmec to the Aztecs* (5ta. Edición). Nueva York: New York: Thames & Hudson
- Crawford, M. H., Leyshon, W. C., Brown, K., Lees, F. and Taylor, L. (1974), Human biology in Mexico. II. A comparison of blood group, serum and red cell enzyme frequencies, and genetic distances of the Indian populations of Mexico. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 41: 251-268. doi:[10.1002/ajpa.1330410208](https://doi.org/10.1002/ajpa.1330410208)
- D’Erchia, A. M., Atlante, A., Gadaleta, G., Pavesi, G., Chiara, M., De Virgilio, C., ... Pesole, G. (2015). Tissue-specific mtDNA abundance from exome data and its correlation with mitochondrial transcription, mass and respiratory activity. *Mitochondrion*, 20, 13–21. <https://doi.org/10.1016/j.mito.2014.10.005>
- Davies, N. (1977). *The Toltecs, until the fall of Tula*. Norman: University of Oklahoma Press.
- Davies, N. (1980). *The Toltec Heritage: From the Fall of Tula to the Rise of Tenochtitlán*. Norman University Press of Oklahoma Press.

- Dávila Cabrera, P. (2009). “La Huasteca: problemática y nexos culturales” en Zaragoza Ocaña, D. (Ed.) *Memoria del Taller Arqueología de la Huasteca. Homenaje a Leonor Merino Carrión*. (pp. 33-49) México D.F., México. INAH.
- Davletshin, A. (2012). Proto-Uto-Aztecans on their way to the Proto-Aztecán homeland. *Journal of Language Relationship*, 8, 75–92.
- De La Cruz, I., González-Oliver, A., Kemp, B. M., Román, J. A., Smith, D. G., & Torre-Blanco, A. (2008). Sex Identification of Children Sacrificed to the Ancient Aztec Rain Gods in Tlatelolco. *Current Anthropology*, 49(3), 519–526.  
<https://doi.org/10.1086/587642>
- Delhalle, J.-C., & Luykx, A. (1986). The Nahuatl Myth of the Creation of Humankind: A Coastal Connection? *American Antiquity*, 51(1), 117–121.  
<http://doi.org/10.2307/280398>
- Denaro, M., Blanc, H., Johnson, M. J., Chen, K. H., Wilmsen, E., Cavalli-Sforza, L. L., & Wallace, D. C. (1981). Ethnic variation in Hpa 1 endonuclease cleavage patterns of human mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 78(9), 5768–5772.  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/6272318>
- Destro-Bisol, G., Jobling, M. A., Rocha, J., Novembre, J., Richards, M. B., Mulligan, C., ... Manni, F. (2010). Molecular Anthropology in the genomic era. *Journal of Anthropological Sciences*, 88, 93–112.
- Diehl, Michael W (1999). Early Maize in the Greater Southwest. *Archaeology Southwest*. Vol. 13, No. 1. Center for Desert Archaeology. Recuperado de <https://www.archaeologysouthwest.org/pdf/arch-sw-v13-no1.pdf>
- Douzery, E. (s.f.) ISEM. Recuperado de: <http://www.isem.univ-montp2.fr/fr/personnel/equipements/phylogenie-et-evolution-moleculaire/douzery-emmanuel.index/>
- Ekholm, G. F., (1946). Excavations at Tampico and Panuco in the Huasteca, Mexico, en *Anthropological Papers*, 38, 1941-44, New York: American Museum of Natural History.
- Elzey, W. (1991). A Hill on a Land Surrounded by Water: An Aztec Story of Origin and Destiny. *History of Religions*, 31(2), 105–149.  
<http://www.jstor.org.pbbidi.unam.mx:8080/stable/1063021>
- Excoffier, L. and H.E. L. Lischer (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10: 564-567.
- Kemp BM, Resendez A, Román Berrelleza JA, Malhi RS, Smith DG (2005). An analysis of ancient Aztec mtDNA from Tlatelolco: Pre-Columbian relations and the spread of UtoAztecán. *Biomolecular Archaeology: Genetic Approaches to the Past*, ed Reed DM (Southern Illinois University, Carbondale, IL), pp 22–46.
- Faust, K., Richter, K. (2015). *The Huasteca: Culture, History, and Interregional Exchange* (1era. Ed.). Norman: University Oklahoma Press.
- Foster, L. (2007). *A Brief History of Central America* (2nd ed.). Nueva York: Infobase Publishing.

- Gachúz-Maya, J. C. (2014) Flujos migratorios de China en el estado de Puebla, México. *México y la cuenca del pacífico*, 8. Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Sociales y Humanidades, Departamento de Estudios del Pacífico. Consultado el 14 de octubre de 2019, extraído de <https://www.redalyc.org/jatsRepo/4337/433747298004/html/index.html>
- Gallardo Arias, Patricia (2004). *Huastecos de San Luis Potosí*. México.
- Garfias, E. (2012). Análisis de los Linajes Fundadores del DNA mitocondrial en cuatro poblaciones indígenas de México. Tesis de Licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México.
- George, C. y George L. (2010). *Maya Civilization* (1era. Ed.). Gale CENGAGE Learning. Michingan, Estados Unidos.
- Ghannam MG, Varacallo M. *Biochemistry, Polymerase Chain Reaction (PCR)* (Actualizado el 10 de Dic. De 2018). Obtenido de: Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; Enero 2018-. Extraído de: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK535453/>
- Giles, R. E., Blanc, H., Cann, H. M., & Wallace, D. C. (1980). Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 77(11), 6715–6719.
- González-Martín, A., Gorostiza, A., Regalado-Liu, L., Arroyo-Peña, S., Tirado, S., Nuño-Arana, I., ... Rangel-Villalobos, H. (2015). Demographic history of indigenous populations in Mesoamerica based on mtDNA sequence data. *PLoS ONE*, 10(8). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0131791>
- González-Oliver, A., Acuña-Alonzo, P., et al. (2011). Análisis Genético de Poblaciones Mayas y Lacandonas de las Tierras Bajas, en *Memorias del IV Simposio Internacional del Hombre Temprano en América*, México. IIA-UNAM, pp. 59-74.
- González-Oliver, A., Garfias-Morales, E., Millán-Sierra, A., Áviles-Chávez, V., Hernández, A. (2019a). Antropología Molecular y el Análisis del ADN Mitocondrial en Poblaciones Nahuas que Habitan en el Altiplano de México. *Diario de Campo*, 6 “Genómica y genética de poblaciones” 4ª, Año 1, septiembre-diciembre 2018. Coordinación Nacional de Antropología del INAH.
- González-Oliver, A., Garfias-Morales, E., Smith, D. G., & Quinto-Sanchez, M. (2017). Mitochondrial DNA Analysis of Mazahua and Otomi Indigenous Populations from Estado de Mexico Suggests a Distant Common Ancestry. *Human Biology*, 89(3), 195–216. <https://doi.org/10.13110/humanbiology.89.3.03>
- González-Oliver, A., Marquez-Morfin, L., Jimenez, J. C., & Torre-Blanco, A. (2001). Founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in ancient Maya from Xcaret, Quintana Roo. *American Journal of Physical Anthropology*, 116(3), 230–235. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1118>
- González-Oliver, A., Pineda-Vázquez, D., Garfias-Morales, E., De la Cruz, I., Medrano-González, L., Márquez-Morfin, L., Ortega-Muñoz, A. (2019b). Genetic Overview of the Maya Populations: Mitochondrial DNA haplogroups. Enviado a *Human Biology*, marzo 2019.
- González-Oliver., A., Morales, E. G., García, E. R., De La, M. I., Laina, C., Patricia, A., ... Blanco, A. T. (2013). Análisis del DNA mitocondrial antiguo y contemporáneo: un acercamiento a las relaciones genéticas en las poblaciones

indígenas de Mesoamérica. *Cuicuilco*, 20(58), 153–171.

<http://www.redalyc.org/pdf/351/35130975009.pdf>

- Greenberg, B. D., Newbold, J. E., & Sugino, A. (1983). Intraspecific nucleotide sequence variability surrounding the origin of replication in human mitochondrial DNA. *Gene*, 21(1–2), 33–49.
- Grube, N. (2000). *Los mayas: una civilización milenaria* (1era ed.). Könemann. Colonia, Alemania.
- Healan, D. (2012). The Archaeology of Tula, Hidalgo, México. *Journal of Archaeological Research*, Vol. 20, No. 1. Pp: 53-115
- Hill, J. H. (2001a). “Dating the break-up of Southern Uto-Aztecan” en *Avances y balances de lenguas yutoaztecas*, editado por J. L. Moctezuma-Zamarrón y J. H. Hill, 345–57. Mexico: Instituto Nacional de Antropología e Historia.
- Hill, J. H. (2001b). Proto-Uto-Aztecan : A Community of Cultivators in Central Mexico? *American Anthropologist*, 103(4), 913–934.  
<https://doi.org/10.1525/aa.2001.103.4.913>
- Hill, J. H. (2010). New evidence for a Mesoamerican homeland for Proto-Uto-Aztecan. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(11), E33–E33.  
<https://doi.org/10.1073/pnas.0914473107>
- Hill, J. H. (2012). Proto-Uto-Aztecan as a Mesoamerican language. *Ancient Mesoamerica*, 23(1), 57–68. <https://doi.org/10.1017/S0956536112000041>
- Hill, J. H. (2015). The Proto-Uto-Aztecan Cultivation Hypothesis: New Linguistic Evidence. *Annual Meeting of the Berkeley Linguistics Society*, 33(1), 204–218.  
<https://doi.org/10.3765/bls.v33i1.3528>
- Houston, S. and Robertson, J. (2015). The Huastec Problem. En: K. Faust and K. Richter, ed., *The Huasteca*, 1era. ed. pp.19-36.
- Ibarra-Rivera L, Mirabal S, M. Regueiro M. y Herrera R. J. (2008). Delineating Genetic Relationships Among the Maya. *American Journal of Physical Anthropology*. 135: 329-347
- INAH (2008) *La Huasteca: Región Multicultural*. Consultado el 15 de febrero de 2019 (en línea): <https://inah.gob.mx/boletines/3099-la-huasteca-region-multicultural>
- INALI (2010) Catálogo de Lenguas Indígenas. Yutonahua. Consultado el 14 de enero de 2019, (en línea): <https://www.inali.gob.mx/clin-inali/>
- INEGI, 2008. Censos y Conteos.
- INEGI, 2010. Censo de Población y Vivienda de 2010.
- INEGI, 2015. Censo Intercensal de 2015.
- Ingman, M., Kaessmann, H., Pääbo, S., & Gyllensten, U. (2000). Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature*, 408(6813), 708–713.  
<https://doi.org/10.1038/35047064>
- Johansson, P. (2012). La imagen del huasteco en el espejo de la cultura náhuatl prehispánica. *Estudios de cultura náhuatl* 44, julio-diciembre de 2012, pp:65-133.
- Johnston, I. G., & Williams, B. P. (2016). Evolutionary Inference across Eukaryotes Identifies Specific Pressures Favoring Mitochondrial Gene Retention. *Cell Systems*, 2(2), 101–111. <https://doi.org/10.1016/j.cels.2016.01.013>

- Jones, L. (1993). The Hermeneutics of Sacred Architecture: A Reassessment of the Similitude between Tula, Hidalgo and Chichen Itza, Yucatan, Part II. *History of Religions, Vol. 32, No. 4*. Pp: 315-342
- Justice, A. E. (2011). Genetic Structure of the Maya in Guatemala: Perspectives on the Population History of the Maya using mtDNA and Y-chromosome Markers. Tesis de doctorado. Universidad de Kansas.
- Kaufman, T. (1976). Archaeological and linguistic correlations in Mayaland and associated areas of Meso-America, *World Archaeology, 8:1*, 101-118, DOI:10.1080/00438243.1976.9979655
- Kaufman, Terrence (2001) The history of the Nawa language group from the earliest times to the sixteenth century: some initial results. Ms. <http://www.albany.edu/anthro/maldp/papers.htm>
- Kemp, B., & Schurr, T. G. (2010). *Ancient and Modern Genetic Variation in the Americas* (1 ed.). Center of Archaeological Investigations. pp: 12-50.
- Kratser, R; Kratser, P. (1973). “Topografía y cerámica de el Tajin, Veracruz” en *Anales del INAH, tomo III, 7a. época*, pp:1977-221, México.
- Kundu, S., y Ghosh, S. K. (2015). Trend of different molecular markers in the last decades for studying human migrations. *Gene, 556(2)*, 81–90. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2014.12.023>
- Lagunas-Rodriguez, Z. (2002). La antropología física en México: ¿Qué es y para qué sirve? *Ciencia, 53*, 12–23. Recuperado de: [https://www.amc.edu.mx/revistaciencia/images/revista/53\\_4/la\\_antropologia.pdf](https://www.amc.edu.mx/revistaciencia/images/revista/53_4/la_antropologia.pdf)
- León, N. (1919). Historia de la Antropología Física en México. *American Journal of Physical Anthropology*, vol. II (3), 229–264.
- Lisker, R., Cobo, L. and Mora, G. (1971). Distribution of albumin variants in Indians and non-Indians of Mexico. *Am. J. Phys. Anthropol., 35*: 119-123. doi:[10.1002/ajpa.1330350114](https://doi.org/10.1002/ajpa.1330350114)
- Lisker, R., & Giblett, E. R. (1967). Studies on several genetic hematological traits of Mexicans. XI. Red cell acid phosphatase and phosphoglucomutase in three Indian groups. *American Journal of Human Genetics, 19(2)*, 174–177.
- Lisker, R., Loria, A., & Cordova, M. S. (1965). Studies on several genetic hematological traits of the mexican population. 8. Hemoglobin s, glucose-6-phosphate dehydrogenase deficiency, and other characteristics in a malarial region. *American Journal of Human Genetics, 17(2)*, 179–187. Recuperado de: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/14262135>
- Lodish H, Berk A, Zipursky SL, et al. *Molecular Cell Biology*. 4ta edición. New York: W. H. Freeman; 2000. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21475/>
- López de Gómara (1552). *Historia de la conquista de México*, Biblioteca Ayacucho, Caracas, Venezuela. Edición de 1979, cap. 77, p. 123.
- Lorenz, J. G., Smith, D. G. (1996). Distribution of four founding mtDNA haplogroups among Native North Americans. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists, 101(3)*, 307-323.

- Luo, S., Valencia, C. A., Zhang, J., Lee, N.-C., Slone, J., Gui, B., ... Huang, T. (2018). Biparental Inheritance of Mitochondrial DNA in Humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(51), 13039 LP-13044. <https://doi.org/10.1073/pnas.1810946115>
- Lutz, S., Weisser, H.J., Heizmann, J. et al. (1996) mtDNA as a tool for identification of human remains. *Int J Leg Med*, 109: 205. <https://doi.org/10.1007/BF01225519>
- MacNeish, Richard S. 1954. *An Early Archaeological Site near Panuco, Vera Cruz*. Philadelphia: American Philosophical Society.
- Macri, M. J. (2006) Nahua Loan words from the early classic period: words for cacao preparation on a Río Azul ceramic vessel. *Cambridge University Press Vol 16* (2), pp: 321-326.
- Malhi, R. S., Schultz, B. A., & Smith, D. G. (2001). Distribution of mitochondrial DNA lineages among Native American tribes of Northeastern North America. *Human Biology*, 73(1), 17–55.
- Mangiafico, S. (2019). rcompanion: Functions to Support Extension Education Program Evaluation. R package version 2.1.7. <https://CRAN.R-project.org/package=rcompanion>
- Margulis, L., Chapman, M., Guerrero, R., & Hall, J. (2006). The last eukaryotic common ancestor (LECA): acquisition of cytoskeletal motility from aerotolerant spirochetes in the Proterozoic Eon. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103(35), 13080–13085. <https://doi.org/10.1073/pnas.0604985103>
- Marks, J. (2002). What Is Molecular Anthropology? What Can It Be? *Evolutionary Anthropology*, 11(4), 131–135. <https://doi.org/10.1002/evan.10031>
- Martínez-Cortés, G., Salazar-Flores, J., Haro-Guerrero, J., Rubi-Castellanos, R., Velarde-Félix, J. S., Muñoz-Valle, J. F., Rangel-Villalobos, H. (2013). Maternal admixture and population structure in Mexican-Mestizos based on mtDNA haplogroups. *American Journal of Physical Anthropology*, 151(4), 526–537.
- Martínez-De Velazco, A y Vega, M. (2011) *Los mayas: voces de piedra*. Ámbar Diseño, México.
- Mata-Míguez, J., Overholtzer, L., Rodríguez-Alegría, E., Kemp, B. M., & Bolnick, D. A. (2012). The genetic impact of Aztec imperialism: Ancient mitochondrial DNA evidence from Xaltocan, Mexico. *American Journal of Physical Anthropology*, 149(4), 504–516. <https://doi.org/10.1002/ajpa.2215>
- McQuown, N. (1964) “Los orígenes y la diferenciación de los mayas según se infiere del estudio comparativo de las lenguas mayanas” en E. Z. Vogt y A. Ruz (coords.), *Desarrollo cultural de los mayas*, México, UNAM, 1964, pp. 49-80.
- Melartin, L., y Blumberg, B. S. (1967). Albumin Mexico, a New Variant of Serum Albumin. *Nature*, 215(16), 1288–1289.
- Merrill, W. L., Hard, R. J., Mabryc, J. B., Fritz, G. J., Adams, K. R., Roney, J. R., & MacWilliams, A. C. (2009). The diffusion of maize to the southwestern United States and its impact. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(50), 21019–21026.
- Merriwether, D. A., Clark, A. G., Ballinger, S. W., Schurr, T. G., Soodyall, H., Jenkins, T., ... Wallace, D. C. (1991). The structure of human mitochondrial DNA

variation. *Journal of Molecular Evolution*, 33(6), 543–555.  
<https://doi.org/10.1007/BF02102807>

- Merriwether, D. A., Rothhammer, F., & Ferrell, R. E. (1994). Genetic variation in the New World: Ancient teeth, bone, and tissue as sources of DNA. *Experientia*, 50(6), 592–601. <https://doi.org/10.1007/BF01921730>
- Meyer, D., Zeileis, A., y Hornik, K. (2017). vcd: Visualizing Categorical Data. R package version 1.4-4.
- Meyer, S., Weiss, G., & Haeseler, A. Von. (1999). Pattern of Nucleotide Substitution and Rate Heterogeneity in the Hypervariable Regions I and II of Human mtDNA. *Genetics*, 152((3), 1103–1110.
- Miller, W. R. (1984). The Classification of the Uto-Aztecan Languages Based on Lexical Evidence Author. *International Journal of American Linguistics*, 50(1), 1–24. Recuperado de <http://www.jstor.org/stable/1265195>
- Miller, Wick R. (1983). *Uto-Aztecan languages*. In *Handbook of North American Indians*. Vol. 10, Southwest. Edit. Alfonso Ortiz, 113–124. Washington, DC: Smithsonian Institution Press.
- Mizuno, F., Wang, L., Sugiyama, S., Kurosaki, K., Granados, J., Gomez-Trejo, C., ... Ueda, S. (2017). Characterization of complete mitochondrial genomes of indigenous Mayans in Mexico. *Annals of Human Biology*, 44(7), 652–658. <https://doi.org/10.1080/03014460.2017.1358393>
- Moreno-Estrada, A., Gignoux, C. R., Fernández-López, J. C., Zakharia, F., Sikora, M., Contreras, A. V, ... Bustamante, C. D. (2014). The genetics of Mexico recapitulates Native American substructure and affects biomedical traits. *Science*, 344(6189), 1280 LP-1285. <http://doi.org/10.1126/science.1251688>
- Mullis KB. (1990). The unusual origin of the polymerase chain reaction. *Sci. Am*. 262(4), 56-61, 64-5.
- Ochoa, L. (1979). *Historia prehispánica de la huasteca*. UNAM, Instituto de Investigaciones Antropológicas.
- Ochoa, L. (1989). *Huastecos y totonacos: Una antología histórico-cultural*. México D.F. CONACULTA.
- Ochoa-Lugo, de Lourdes Muñoz, Pérez-Ramírez, Beaty, López-Armenta, Cervini-Silva, ... Romano-Pacheco. (2017). Genetic Affiliation of Pre-Hispanic and Contemporary Mayas through Maternal Lineage. *Human Biology*, 88(2), 136. <https://doi.org/10.13110/humanbiology.88.2.0136>
- Peñaloza-Espinosa, R. I., Arenas-Aranda, D., Cerda-Flores, R. M., Buentello-Malo, L., González-Valencia, G., Torres, J., ... Salamanca, F. (2007). Characterization of mtDNA Haplogroups in 14 Mexican Indigenous Populations. *Human Biology*, 79(3), 313–320. <https://doi.org/10.1353/hub.2007.0042>
- Pérez Martínez, M. (2013). Relaciones genéticas determinadas con DNA mitocondrial en poblaciones mesoamericanas contemporáneas mazahua, otomí, lacandona y maya antigua. Tesis de licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Picornell, A., Gomez-Barbeito, L., Tomas, C., Castro, J. A., & Ramon, M. M. (2005). Mitochondrial DNA HVRI variation in Balearic populations. *American*

*Journal of Physical Anthropology*, 128(1), 119–130.

<https://doi.org/10.1002/ajpa.10423>

- Pineda Vázquez, D. (2015). Estudio del DNA mitocondrial en poblaciones indígenas contemporáneas: Mixe, Mixteca y Maya del sureste de México. Tesis de maestría. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Prüfer, K., de Filippo, C., Grote, S., Mafessoni, F., Korlevic, P., Hajdinjak, M., ... Paabo, S. (2017). A high-coverage Neandertal genome from Vindija Cave in Croatia. *Science (New York, N.Y.)*, 358(6363), 655–658. <https://doi.org/10.1126/science.aao1887>
- Quezada, M. N. (1972). *Los Matlazincas: Época prehispánica y Época Colonial hasta 1660*. Instituto Nacional de Antropología e Historia. Serie Investigaciones 22.
- Rangel-Villalobos, H., Martínez-Sevilla, V. M., Martínez-Cortés, G., Aguilar-Velázquez, J. A., Sosa-Macias, M., Rubi-Castellanos, R., & González-Martín, A. (2016). Importance of the geographic barriers to promote gene drift and avoid pre- and post-Columbian gene flow in Mexican native groups: Evidence from forensic STR Loci. *American Journal of Physical Anthropology*, 160(2), 298–316. <http://doi.org/10.1002/ajpa.22969>
- Ren, Z., Chen, H., Yang, X., & Zhang, C. (2017). Phylogenetic analysis of Tibetan mastiffs based on mitochondrial hypervariable region I. *Journal of Genetics*, 96(1), 119–125.
- Richardson, B. (2008). *Las Grandes Sequías Mayas, Agua, Vida y Muerte*. Fondo de Cultura Económica. México.
- Roychoudhury, A. K. (1975). Genetic distance and gene diversity among linguistically different tribes of Mexican Indians. *American Journal of Physical Anthropology*, 42(3), 449–454. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330420312>
- Saavedra Silva, Elvira Eva, & Sánchez Salazar, María Teresa. (2008). Minería y espacio en el distrito minero Pachuca-Real del Monte en el siglo XIX. *Investigaciones geográficas*, (65), 82-101. Recuperado en 14 de octubre de 2019, de [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0188-46112008000100007&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0188-46112008000100007&lng=es&tlng=es)
- Saiki, R. K., Gelfand, D. H., Stoffel, S., Scharf, S. J., Higuchi, R., Horn, G. T., ... Erlich, H. A. (1988). Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science*. <https://doi.org/10.1126/science.2448875>
- Saiki, R., Scharf, S., Faloona, F., Mullis, K., Horn, G., Erlich, H., & Arnheim, N. (1985). Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. *Science*. <https://doi.org/10.1126/science.2999980>
- Sandoval, K., Buentello-Malo, L., Peñalosa-Espinosa, R., Avelino, H., Salas, A., Calafell, F., & Comas, D. (2009). Linguistic and maternal genetic diversity are not correlated in Native Mexicans. *Human Genetics*, 126(4), 521–531. <https://doi.org/10.1007/s00439-009-0693-y>
- Sankararaman, S., Mallick, S., Dannemann, M., Prüfer, K., Kelso, J., Pääbo, S., ... Reich, D. (2014). The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans. *Nature*, 507, 354. <https://doi.org/10.1038/nature12961>

- Santos, C., Sierra, B., Alvarez, L., Ramos, A., Fernandez, E., Nogues, R., & Aluja, M. P. (2008). Frequency and pattern of heteroplasmy in the control region of human mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 67(2), 191–200. <https://doi.org/10.1007/s00239-008-9138-9>
- Schwaller. John (2012). The Expansion of Nahuatl as Lingua Franca among Priests in Sixteenth-Century Mexico. *Ethnohistory* 59:4. DOI 10.1215/00141801-1642707.
- Sharer RJ, Traxler LP (2006). *The ancient Maya*. Stanford, CA: Stanford University Press.
- Sharer, R. J. (2009). *Daily life in Maya civilization* (1era ed.). Greenwood Press. Estados Unidos.
- Shields, G. F., Schmiechen, A. M., Frazier, B. L., Redd, A., Voevoda, M. I., Reed, J. K., & Ward, R. H. (1993). mtDNA sequences suggest a recent evolutionary divergence for Beringian and northern North American populations. *American journal of human genetics*, 53(3), 549–562.
- Smith, D. G., Malhi, R. S., Eshleman, J., Lorenz, J. G., & Kaestle, F. A. (1999). Distribution of mtDNA haplogroup X among native North Americans. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 110(3), 271–284.
- Smith, M. E. (1984). The Aztlan Migrations of the Nahuatl Chronicles: Myth or History?. *Ethnohistory*, 31(3), 153–186. <https://doi.org/10.2307/482619>
- Solorzano, E. (2006). De la Mesoamérica prehispánica a la colonial: la huella del DNA antiguo. Tesis doctoral. Universidad Autónoma de Barcelona: Barcelona.
- Steele, Susan. (1979). “Uto-Aztecan: An assessment for historical and comparative linguistics” en *The languages of Native America: Historical and comparative assessment*. Editado por Lyle Campbell y Marianne Mithun, 444–544. Austin: Univ. of Texas Press.
- Steinberg AG, Soledad Cordova M, Lisker R. (1967). Studies on several genetic hematologic traits of Mexicans. XV. The Gm allotypes of some Indian tribes. *Am J Hum. Genet.* 19(6):747-56.
- Stoneking, M. (1997). The human genome project and molecular anthropology. *Genome Research*. <https://doi.org/10.1101/gr.7.2.87>
- Stoneking, M. (2000). Hypervariable sites in the mtDNA control region are mutational hotspots. *American Journal of Human Genetics*, 67(4), 1029–1032. <https://doi.org/10.1086/303092>
- Stresser-Péan, G. (2006). “La Huasteca: historia y cultura” en *Arqueología Mexicana*, 79, pp. 32-39.
- Stresser-Péan, G. “Les Indiens huastèques”, en *Revista mexicana de estudios antropológicos*, 13 (2-3), 1952-1953, p. 215.
- Tamaki, K., & Jeffreys, A. J. (2005). Human tandem repeat sequences in forensic DNA typing. *Legal Medicine (Tokyo, Japan)*, 7(4), 244–250. <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2005.02.002>
- Torroni, A., Schurr, T. G., Cabell, M. F., Brown, M. D., Neel, J. V., Larsen, M., ... Wallace, D. C. (1993). Asian affinities and continental radiation of the four founding

Native American mtDNAs. *American Journal of Human Genetics*, 53(3), 563–590. Recuperado de <http://www.scopus.com/inward/record.url?eid=2-s2.0-0027363388&#38;partnerID=40&%2338;md5=56225087c23e02d05ac191353b9987e3>

- Torroni, A., Schurr, T. G., Yang, C. C., Szathmary, E. . J., Williams, R. C., Schanfield, M. S., ... Weiss, K. M. (1992). Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the Nadene populations were founded by two independent migrations. *Genetics*, 130(1), 153–162. <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=1204788&tool=pmcentrez&rendertype=abstract>
- Wallace, D. C. (2007). Why do we still have a maternally inherited mitochondrial DNA? Insights from evolutionary medicine. *Annual Review of Biochemistry*, 76, 781–821. <https://doi.org/10.1146/annurev.biochem.76.081205.150955>
- Warinner C, García NR, Spores R, Tuross N. (2012). Disease, demography, and diet in early colonial New Spain: investigation of a sixteenth-century Mixtec cemetery at Teposcolula Yucundaa. *Lat. Am. Antiq.* 23:467–489.
- White, N., & Weinstein, R. (2008). The Mexican Connection and the Far West of the U.S. *Southeast. American Antiquity*, 73(2), 227-277.
- Wichmann, S., Müller, A., & Velupillai, V. (2010). Homelands of the world's language families. *Diachronic*, 27:2(January), 247–276. <https://doi.org/doi.10.1075/dia.27.2.05wic>
- Wittwer, C. T., Herrmann, M. G., Moss, A. A., & Rasmussen, R. P. (1997). BioFeature Continuous Fluorescence Monitoring of Rapid. *BioTechniques*.
- Zaragoza Ocaña, D. (1998). “Intercambios comerciales prehispánicos entre el área de Guadalcázar y la Huasteca” en J. Ruvalcaba Mercado (Coord.), *Nuevos Aportes al Conocimiento de la Huasteca* (1era. ed., pp. 31–38). Ciudad de México: CIESAS.