

# ESTUDIOS DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA

VOLUMEN XIII

\*

Editoras

Magalí Civera Cerecedo  
Martha Rebeca Herrera Bautista



Instituto Nacional  
de Antropología  
e Historia



Consejo Nacional  
para la  
Cultura y las Artes



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO  
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES ANTROPOLÓGICAS  
INSTITUTO NACIONAL DE ANTROPOLOGÍA E HISTORIA  
ASOCIACIÓN MEXICANA DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA  
MÉXICO 2007

*Comité editorial*

Xabier Lizarraga Cruchaga  
Abigail Meza Peñaloza  
Florencia Peña Saint Martin  
José Antonio Pompa y Padilla  
Carlos Serrano Sánchez  
Luis Alberto Vargas Guadarrama

Todos los artículos fueron dictaminados

Primera edición: 2007

© 2007, Instituto de Investigaciones Antropológicas  
Universidad Nacional Autónoma de México  
Ciudad Universitaria, 04510, México, D.F.

© 2007, Instituto Nacional de Antropología e Historia  
Córdoba 45, Col. Roma, 06700, México, D.F.  
sub\_fomento.cncpbs@inah.gob.mx

© 2007, Asociación Mexicana de Antropología Biológica

ISSN 1405-5066

Prohibida la reproducción total o parcial por cualquier medio sin la autorización  
escrita del titular de los derechos patrimoniales

D.R. Derechos reservados conforme a la ley  
Impreso y hecho en México  
*Printed in Mexico*

# POTENCIAL ANTROPOLÓGICO DE DXYS156 EN POBLACIONES MEXICANAS: COMPARACIÓN DEL PANORAMA AUTOSÓMICO Y PATRILINEAL

H. Rangel Villalobos  
G. Martínez Cortés  
L. A. Páez Riberos  
J. F. Muñoz Valle\*  
M. Torres Rodríguez

*Laboratorio de Genética Molecular, Centro Universitario de la Ciénega, U de G*  
*\*Laboratorio de Inmunología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, U de G*

## RESUMEN

El STR pentanucleótido DXYS156 (TAAAA)n ofrece ventajas para pruebas de identificación genética y antropológica, ya que determina el sexo, aporta información al perfil de ADN e indica el posible origen geográfico del individuo. Se analizaron 757 individuos (302 varones y 455 mujeres) de siete poblaciones mexicanas (mestizos y seis etnias), donde los alelos cortos (X4-X10) y largos (Y11-Y13) fueron específicos del cromosoma sexual X y Y, respectivamente. Las inferencias antropológicas obtenidas con DXYS156 fueron: a) una mayor diversidad genética en mestizos que en las etnias; b) la excepción fueron los varones mayas, por la elevada frecuencia de Y13 en esta etnia, indicativa de mestizaje y efecto fundador posiblemente no europeo; c) poco (o nulo) mestizaje en huicholes y efectos de deriva génica; d) una elevada diversidad genética atribuible a mestizaje en purépechas vía mujeres, no así en varones; e) en tarahumaras bajo pero detectable mestizaje, así como una relación estrecha del lado paterno con huicholes; f) entre nahuas e indígenas de Mezcala (ribera de Chapala, Jalisco) se observó una relación cercana, explicada por mayor mestizaje en estas poblaciones. La congruencia de estos datos con reportes previos, analizando marcadores autosómicos y del cromosoma Y en algunas de estas poblaciones, confirma el potencial de DXYS156 en antropología al permitir comparar ambos tipos de herencia: autosómica y patrilineal.

PALABRAS CLAVE: antropología, genética, cromosoma-Y, forense, amerindios, mexicanos.

### ABSTRACT

The STR pentanucleotide DXYS156 (TAAAA) $n$  offers advantages for personal identification and anthropological purposes. In addition to establish the gender, DXYS156 expands the DNA profile, and is able to indicate the possible geographic origin of the individual. In this work, we established the anthropological potential of DXYS156 and, in males, its relation with Amerindian Y-chromosomes carrying the M3 mutation. We analyzed 757 unrelated individuals (302 males and 455 females) from seven Mexican populations; we estimated forensic parameters and checked the random distribution of genotypes in each population. The DXYS156 shorter (X4-X10) and the larger alleles (Y11-Y13) were specific for the X and Y sexual chromosomes, respectively. The anthropological inferences obtained with DXYS156 were: a) a higher genetic diversity in Mestizos than tribes; b) excepting mayas because a high frequency of the allele Y-13, suggesting admixture via males, with possible founder effect and/or genetic drift; c) huichols was the lowest admixed group under genetic drift effects; d) admixture in Purépechas, exclusively via females but no males; e) a low level of genetic flow in tarahumaras, with a close relationship with huicholes via males, according to the linguistic filiations; e) a high admixture in nahuas and Mezcala (Jalisco) and close genetic relationship between them, suggesting a common origin.

KEY WORDS: anthropology, genetics, Y-chromosome, amerindians, mexicans, forensic.

### INTRODUCCIÓN

DXYS156 es un marcador STR pentanucleotídico (TAAAA) $n$  en regiones homólogas de los cromosomas sexuales (Yp y Xq) que no recombinan (Chen *et al.* 1994), de manera que la porción en el Y está sujeta a mutaciones específicas del varón (Kersting *et al.* 2001). DXYS156 consta de 12 alelos, siete pequeños encontrados en el cromosoma X, mientras los cinco mayores están en el cromosoma Y. Debido a diferencias en frecuencias alélicas y diversidad genética entre regiones geográficas y entre cromosomas sexuales, DXYS156 se ha propuesto para aplicaciones

forenses y antropológicas (Karafet *et al.* 1998, Kersting *et al.* 2001, Cali *et al.* 2002, Kim *et al.* 2000). En ciencias forenses ofrece la ventaja de diferenciar hombres de mujeres por su genotipo, similar al sistema amelogenina; pero además contribuye al perfil de ADN por ser multialélico, y se obtiene conocimiento del probable origen de la muestra, reduciendo la lista de sospechosos, así como el tiempo y costo de la investigación (Cali *et al.* 2002). En México sólo se han publicado dos estudios con DXYS156; en el primero se incluyeron a zapotecos, mixtecos y mixes (Karafet *et al.* 1998), y en el segundo a mestizos, huicholes, purépechas, tarahumaras, mayas, nahuas e indígenas de Mezcala (Jalisco), aunque en este último con una perspectiva forense (Torres-Rodríguez *et al.* 2005). Derivado del segundo trabajo, ahora se aborda una discusión antropológica de los resultados, donde además se analiza la relación de DXYS156 con cromosomas Y amerindios definidos por la mutación M3 (Lell *et al.* 1997). Se pudieron inferir relaciones genéticas y procesos histórico-poblacionales concordantes con trabajos previos, usando marcadores autosómicos (Rangel Villalobos *et al.* 2000, 2004a) y del cromosoma Y (Rangel Villalobos *et al.* 2003, 2004b). Los resultados validan el uso de DXYS156 en aplicaciones antropológicas, al ofrecer *per se* un panorama general del genoma autosómico con la información genética en mujeres (DXS156) y de la herencia patrilineal (DYS156).

## MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 757 individuos no emparentados de siete poblaciones mexicanas (302 varones y 455 mujeres). Se incluyeron 142 mestizos y 615 amerindios de seis etnias: 62 tarahumaras de las sierras de Chihuahua, 51 purépechas de la zona lacustre de Michoacán, 67 mayas de Yucatán y de Campeche, 36 nahuas de Puebla, 115 huicholes de Jalisco y Nayarit, y 284 indígenas de Mezcala, en la ribera de Chapala, Jalisco. Las descripciones antropológicas de estas poblaciones han sido detalladas previamente (Rangel Villalobos *et al.* 2000, Nuño Arana *et al.* 2005). Todos los voluntarios firmaron una carta de consentimiento informado. El ADN se extrajo por métodos estándar de fenol-cloroformo y salino. DXYS156 se analizó por PCR con los primeros y condiciones especificadas en un reporte previo (Torres Rodríguez *et al.* 2005). El marcador ame-

rindio M3 se analizó de acuerdo con el protocolo reportado por Lell *et al.* (1997) con la enzima de restricción *MunI* (Life Technologies, Inc.). Los amplificadores y sus digestiones se corrieron en geles verticales de poliacrilamida con buffer TBE 1X teñidos con nitrato de plata. La nomenclatura para los alelos STRs se basó en el número de repeticiones y el cromosoma al que están ligado, donde los alelos pequeños (X4-X10) y los grandes (Y11-Y13) fueron específicos del cromosoma X y Y, respectivamente. Las frecuencias alélicas se estimaron por el método de conteo, y la diversidad genética como el poder de discriminación (PD), esto para poder comparar el parámetro en hombres y mujeres, ya que la heterocigosidad en varones es 100% (o casi). En varones se verificó la distribución al azar de genotipos y en mujeres el equilibrio Hardy-Weinberg por pruebas exactas. En el análisis interpoblacional, para cada género se determinó la diferenciación genética por comparaciones pareadas entre poblaciones, además del coeficiente de coancestros de Reynolds (1983) que gráficamente se representó en árboles Neighbour Joining (NJ). En varones se estableció el desequilibrio de ligamiento (DL) entre DYS156 y M3. Con estos fines se emplearon los programas Genetic Data Analysis versión 1.1 y RxC para Windows.

## RESULTADOS Y DISCUSIONES

La discusión se centrará en los procesos históricos que se evidenciaron con DXYS156, tanto en las poblaciones como entre géneros; esto último debido a que los varones estarían influenciados por la herencia patrilineal (DYS156), mientras las mujeres, por ser diploides para el cromosoma X, representan una versión autosómica del marcador (DXS156). Se presenta la distribución de las frecuencias alélicas (figura 1) y la diversidad genética representada por el PD (figura 2) en cada población/género; los valores precisos de éstas y otras estimaciones de importancia forense pueden consultarse en el reporte previo de Torres-Rodríguez *et al.* (2006). La distribución de genotipos en hombres y mujeres se ajustó a lo esperado por el azar y al equilibrio Hardy-Weinberg, respectivamente. El desequilibrio de ligamiento (DL) entre DYS156 y la mutación amerindia M3 en varones no fue significativo en ninguna población ( $p > 0.05$ ). Adicionalmente, para definir alelos no-

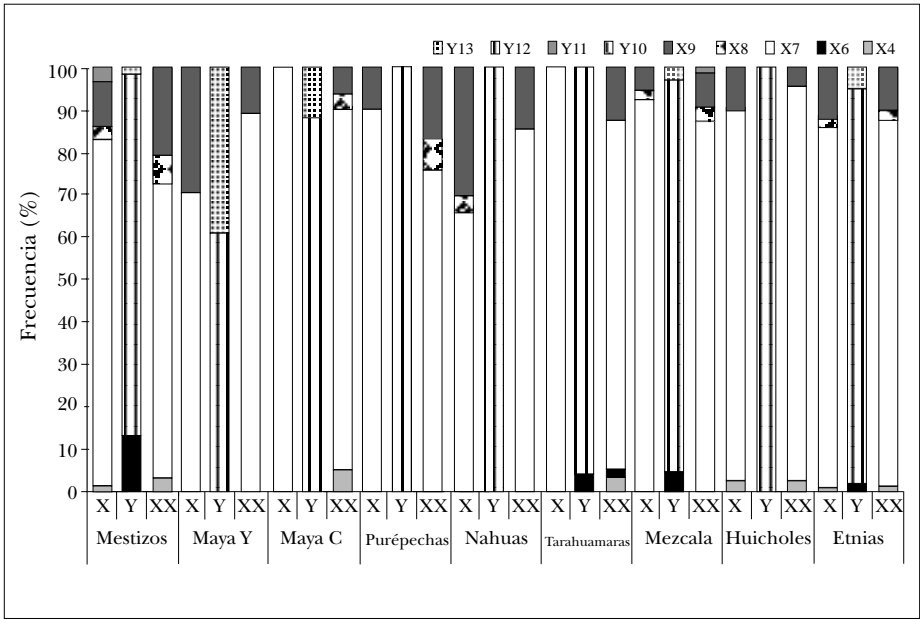


Figura 1. Distribución alélica (porcentaje) de DXYS156 en mujeres (XX) y por cromosoma sexual en varones (XY) de siete poblaciones mexicanas.

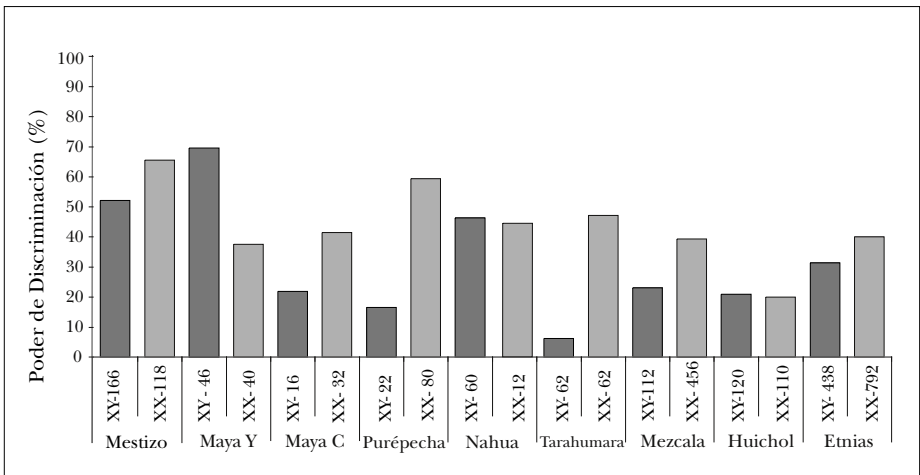


Figura 2. Diversidad genética representada por el PD (porcentaje) para DXYS156 en mujeres (XX) y varones (XY) de siete poblaciones mexicanas.

amerindios en DYS156, se estimaron sus frecuencias alélicas en cromosomas Y con y sin M3 (cuadro 1).

En general, los mestizos tuvieron una mejor distribución de los alelos y, consecuentemente, una mayor diversidad genética respecto a las etnias, cuyas frecuencias alélicas fueron más extremas (cercanas a 0 y 1) (figuras 1 y 2). Esto evidencia el mayor flujo génico en los mestizos por su carácter cosmopolita, derivado de su proceso de formación durante y después de la conquista, al mezclarse españoles e indígenas, principalmente (Gorodezky *et al.* 2001). En las etnias fue indicativo de procesos de deriva génica y/o efecto fundador, que nos remonta a su origen al migrar a través del estrecho de Bering y poblar América (Crawford 1998), y más recientemente a su tamaño pequeño y aislamiento geográfico y cultural (Scheffler 1999).

Desde otra perspectiva, la distribución alélica de DXYS156 evidenció niveles de mestizaje en las etnias, aunque con diferencias importantes para cada género. Destacaron del lado paterno los varones mayas por la elevada frecuencia del alelo Y13 (39.1% en Yucatán y 12.5% en Campeche), mientras en las demás poblaciones fue ausente o muy baja (<1.8%). Debido a lo anterior, en las comparaciones inter-poblacionales los varones mayas fueron los más diferenciados ( $p < 0.05$ ). En México, esto convierte a Y13 como un marcador característico de mayas (principalmente de Yucatán), que además sugiere en esta etnia flujo génico paterno a partir de grupos migrantes *diferentes* a los que poblaron la mayor parte de América; esto también fue evidenciado por su baja frecuencia de M3-T, con 62% en Yucatán y 20% en Campeche (figura 3). Dentro de las explicaciones posibles para estas observaciones po-

#### Cuadro 1

Distribución alélica (porcentaje) de DYS156, con base en M3, en varones de siete poblaciones mexicanas

Alelos DYS156	M3	
	T	C
Y11	-	12.87
Y12	94.74	85.49
Y13	5.26	1.98
Het (%)	10.0	25.93



demos citar: 1) La presencia de la segunda línea amerindia sin M3 (principalmente para mayas de Campeche), llamada Q-P45, relacionada con migraciones posteriores durante el poblamiento del nuevo mundo (Karafet *et al.* 1999, Lell *et al.* 2002, Zegura *et al.* 2004, Schurr 2004). 2) Una relación ancestral con etnias del Caribe, según resultados con el sistema HLA, donde se observó que los arhuacs, primeros habitantes nativos registrados de las islas del Caribe, es el grupo amerindio más cercano a los mayas de Guatemala (Gómez Casado *et al.* 2003). 3) Un flujo génico asiático diferente, relacionado con la hipótesis del poblamiento de América por vías alternas al estrecho de Bering, lo cual fue retomado en el estudio con HLA en mayas de Guatemala, ya que se relacionaron más con indios nadene y eskimos de Norteamérica, o inclusive de otros continentes (europeos, asiáticos, australianos, polinesios, etcétera), que con amerindios de Sudamérica y Mesoamérica, como los zapotecos, mixes o mixtecos, quienes genéticamente *si* se agruparon (Gómez Casado *et al.* 2003). Por otra parte, apoyando la propuesta se

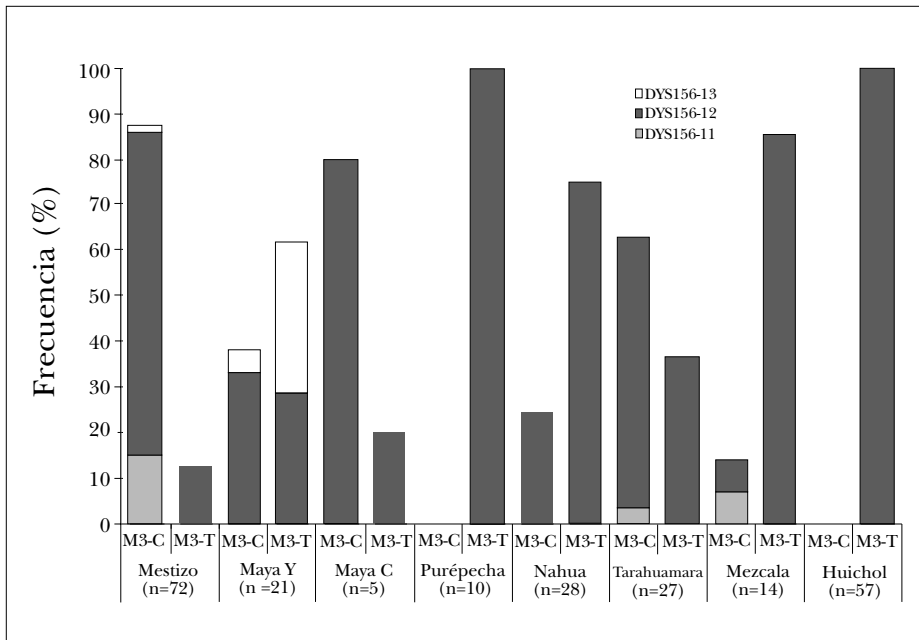


Figura 3. Frecuencia alélica de DXYS156 en cromosomas Y clasificados por M3 (C→T) en varones de siete poblaciones mexicanas.

tienen estudios previos donde se relaciona a Y13 con poblaciones de Asia del Este (Karafet *et al.* 1998 y Kersting *et al.* 2001) y existe otro tipo de evidencia que no es genética como similitudes arqueológicas, culturales, entre mayas y culturas asiáticas (Zapata Alonzo 2002). 4) Flujo génico o mestizaje europeo postconquista. En todas estas interpretaciones es muy plausible un efecto fundador seguido de aislamiento y deriva génica, lo que concuerda con los registros histórico-arqueológicos respecto a la caída de las grandes metrópolis mayas, que ocasionaron fragmentación y posterior aislamiento en comunidades pequeñas, facilitando los procesos genético-poblacionales antes descritos. Por otra parte, las mujeres mayas no presentaron diferencias significativas con ningún grupo étnico ( $p > 0.05$ ), sugiriendo que el flujo génico/efecto fundador observado ha sido más marcado por vía paterna.

El mestizaje en varones de las etnias también pudo determinarse por la presencia de Y11 (figura 3) en indígenas de Mezcala y tarahumaras, así como en nahuas por su alta diversidad genética para DXS156. El mestizaje en mujeres de las etnias también pudo confirmarse por la presencia de X9 y elevada diversidad genética en nahuas y purépechas, principalmente (figuras 1 y 2). Cabe mencionar que se ha descrito una estrecha relación entre purépechas y nahuas con los mestizos mediante marcadores autosómicos, aduciendo mestizaje en las etnias (Rangel Villalobos *et al.* 2000, 2004a). Mientras con haplotipos STRs del cromosoma Y se ha reportado una estrecha relación entre nahuas y mestizos que favorece esta interpretación (Rangel Villalobos *et al.* 2004a), además de la frecuencia de M3 observada en nahuas (75%), que no fue muy elevada. En el caso de los varones purépechas, *todos* presentaron el marcador amerindio M3-T, que indican la ausencia mestizaje (o pureza) vía paterna (figura 3) y contrasta con el mestizaje vía detectado en mujeres purépechas con DXS156. La misma observación se hizo con STRs del cromosoma Y, que llevó a sugerir flujo génico principalmente vía mujeres (Rangel Villalobos *et al.* 2003), considerando los reportes socio-etnográficos que describen una gran cantidad de varones purépechas que migran a Estados Unidos o a grandes ciudades para trabajar (Scheffler 1999); allí podrían encontrar una mujer no purépecha que posteriormente se integraría a la comunidad, por lo cual el mestizaje vía varones sería mucho menor (o nulo), como observamos en este trabajo.

En las comparaciones interpoblacionales las mujeres huicholas e indígenas de Mezcala presentaron el mayor número de diferencias significativas con cuatro. En el caso de los huicholes, la diferenciación tanto en hombres como mujeres indica que es la etnia menos mezclada, lo cual se confirmó del lado paterno con M3, ya que todos los varones presentaron el alelo amerindio (figura 3). En conjunto, las frecuencias alélicas extremas, la baja diversidad genética y la gran diferenciación genética de huicholes indican procesos de aislamiento y deriva génica en esta etnia, que concuerda con su descripción como una de las etnias nativas de América que mejor han mantenido sus cultura, costumbres y tradiciones, ayudados por su posición geográfica en sierras y barrancas de la sierra Madre Occidental. La deriva génica y el bajo (o nulo) mestizaje observados con DXYS156 en huicholes han sido descritos con marcadores autosómicos y del cromosoma Y (Rangel Villalobos *et al.* 2000, 2003).

En los tarahumaras, a pesar que la mayoría de varones no tuvieron la mutación amerindia M3-T (sólo el 37%) (figura 3), que sugeriría mestizaje, la frecuencia para DYS156-12 fue muy similar, y en el árbol NJ (no mostrado) se observó una cercana relación entre tarahumaras y huicholes que concuerda con estudios previos con marcadores autosómicos y ligados al Y (Rangel Villalobos *et al.* 2000, 2003), y con su estrecha filiación lingüística en el grupo nahua-cuitlateco, tronco yuto-nahua y familia pima-cora (Sheffler 1999). Desde la perspectiva del cromosoma Y, esto tiene congruencia con la propuesta de que en tarahumaras hay una frecuencia elevada, respecto a la mayoría de grupos mesoamericanos, de una segunda línea amerindia M3-C (Ruiz-Linares *et al.* 1999, Rangel Villalobos *et al.* 2003) que no implica mestizaje y se relaciona con migraciones posteriores al nuevo mundo (Lell *et al.* 2002)

Para las mujeres indígenas de Mezcala fue notoria la diferenciación significativa con las mestizas ( $p=0.0000$ ), sugiriendo que el flujo génico antes descrito podría ser más bien vía paterna; el mestizaje en varones de Mezcala fue confirmado por una modesta disminución en la frecuencia M3-T (85.7%) (figura 3). Históricamente esta población ha sido aislada geográficamente, y hasta hace cuatro años la construcción de una carretera ha facilitado el acceso a estas comunidades. Sin embargo la relación con mestizos es evidente en sus costumbres (len-

guaje, religión, etcétera). En este grupo se autodenominan “descendientes de los aztecas”, ya que presumiblemente durante su camino del mítico Aztlán algunos grupos se habrían separado para fundar esta comunidad ([www.semarnat.gob.mx/regiones/chapala/pesca.shtml](http://www.semarnat.gob.mx/regiones/chapala/pesca.shtml)). De aquí se explicarían, por efecto fundador, algunas frecuencias alélicas extremas a pesar del aumento en el número de alelos, que por el contrario se relacionan con el mestizaje.

En conclusión, aunque hay que reconocer las limitaciones en las relaciones biológicas o los procesos poblacionales inferidos en este trabajo, por el sesgo atribuible al uso de un sólo marcador y tamaños pequeños de muestra, es de gran relevancia que la mayoría de observaciones o inferencias del presente trabajo fueron congruentes con estudios previos, lo cual confirma el potencial de DXYS156 en estudios de antropología. Cabe destacar que hasta ahora no se había discutido la comparación entre géneros mediante DXYS156 que, comprobamos en este estudio, ofrece una visión dual como marcador autosómico en mujeres y patrilineal en varones.

## Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología a Héctor Rangel (CONACYT 33949). Se agradece la beca doctoral otorgada a M. Torres por CONACYT.

## REFERENCIAS

CALI, F., P. FORSTER, C. KERSTING, M. G. MIRISOLA, R. D'ANNA, G. DE LEO Y V. ROMANO

2002 DXYS156: a multi-purpose short tandem repeat locus for determination of sex, paternal and maternal geographic origins and DNA fingerprinting, *International journal of legal medicine*, 116: 133-138.

CHEN, H., W. LOWTHER, D. AVRAMOPOULOS, S. E. ANTONARAKIS

1994 Homologous loci DXYS156X and DXYS156Y contain a polymorphic pentanucleotide repeat (TAAAA)<sub>n</sub> and map to human X and Y chromosomes, *Human Mutation*, 4(3): 208-211.

CRAWFORD, M. H.

1998 *The origin of native americans*, Cambridge University Press, UK.

GÓMEZ CASADO E., J. MARTÍNEZ LASO, J. MOSCOSO, J. ZAMORA, M. MARTÍN VILLA, M. PÉREZ BLAS, M. LÓPEZ SANTALLA, P. LUCAS GRAMAJO, C. SILVERA, E. LOWY Y A. ARNAIZ VILLENA

2003 Origin of mayans according to HLA genes and the uniqueness of Amerindians, *Tissue antigens*, 61(6):425-36.

GORODEZKY, C., C. ALAEZ, M. N. VÁZQUEZ GARCÍA, G. DE LA ROSA, E. INFANTE, S. BALLADARES, R. TORIBIO, E. PÉREZ LUQUE, L. MUÑOZ

2001 The genetic structure of Mexican Mestizos of different locations: Tracking back their origins through MHC genes, Blood group systems, and microsatellites, *Human immunology*, 62(9): 979-991.

KARAFET, T. M., P. KNIFF, E. WOOD, J. RAGLAND, A. CLARK Y M. HAMMER

1998 Different patterns of variation at the X- and Y- chromosome-linked microsatellite loci DXYS156X and DXYS156Y in human populations, *Human biology*, 70(6): 979-992.

KARAFET, T. M., S. L. ZEGURA, O. POSUKH, L. OSIPOVA, A. BERGEN, J. LONG, D. GOLDMAN, W. KLITZ, S. HARIHARA, P. DE KNIFF, V. WIEBER, C. GRIFFITHS, A. R. TEMPLETON Y M. F. HAMMER

1999 Ancestral Asian Source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes, *American journal of human genetics*, 64: 817-831.

KERSTING, C., C. HOHOFF, R. BURKHART, B. BRINKMAN

2001 Pentanucleotide short tandem repeat locus DXYS156 displays different patterns of variations in human populations, *Croatian medical journal*, 42: 310-314.

KIM, W., D. J. SHIN, S. HARIHARA, Y. J. KIM

2000 Y chromosomal DNA variation in East Asian populations and its potential for inferring the peopling of Korea, *Journal of human genetics*, 45: 76-83.

LELL, J. T., M. D. BROWN, T. G. SCHURR, R. I. SUKERNIK, Y. B. STARIKOVSKAYA, A. TORRONI, L. G. MOORE, G. M. TROUP Y D. C. WALLACE

1997 Y chromosome polymorphisms in Native American and Siberian populations: identification of Native American Y chromosome haplotype, *Human genetics*, 100: 536-43.

LELL, J. T., I. REM, R.I. SUKERNIK, Y. B. STARRIKOVSKAYA, B. SU, L. JIN, T. G. SHURR, P. A. UNDERHILL Y D. C. WALLACE

2002 The dual origin and Siberian affinities of native american Y chromosomes, *American journal of human genetics*, 70: 192-206.

LEWIS, P. O. Y D. ZAYKIN

2001 *Genetic Data Analysis*: Computer program for the analysis of allelic data, version 1.0 (d16c), free program distributed by the authors over the internet from <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>.

MICHELET, D.

2001 La zona occidental en el Posclásico, L. Manzanilla y L. López-Lujan (coords.), *Historia antigua de México, vol. III: El horizonte Posclásico*, Editorial Porrúa, INAH e IIA (UNAM), México, D.F.: 161-198.

NUÑO-ARANA, I., L. A. PÁEZ RIBEROS, L. SANDOVAL RAMÍREZ, J. F. MUÑOZ VALLE, D. PINTO ESCALANTE, J. M. CEBALLOS QUINTAL Y H. RANGEL VILLALOBOS

2005 High prevalence of 5G allele in Amerindian tribes and Mestizos from Mexico at 4G/5G *PAI-I* gene promoter polymorphism, *Thrombosis and haemostasis*, 93: 1-2.

PÉREZ LEZAÚN A., F. CALAFELL, E. MATEU, D. COMAS, R. RUIZ PACHECO Y J. BERTRANPETIT

1997 Microsatellite variation and the differentiation of modern humans, *Human genetics*, 99: 1-7.

RANGEL VILLALOBOS, H., F. RIVAS, L. SANDOVAL, Z. GARCÍA CARVAJAL, J. M. CANTÚ Y L. FIGUERA

2000 Genetic variation among four mexican populations (huichol, purepecha, tarahumara and mestizo) Revealed by Two VNTRS and Four STRs, *Human biology*, 72: 983-995.

RANGEL VILLALOBOS, H., L. SANDOVAL, B. IBARRA Y L. E. FIGUERA

2003 Diversidad genética del cromosoma Y en 4 poblaciones mexicanas, *Revista de antropología biológica, vol. XI*: 49-70.

RANGEL VILLALOBOS, H., L. A. PÁEZ RIBEROS, L. SANDOVAL, B. IBARRA Y L. E. FIGUERA

2004 Antropología genética del cromosoma Y en 5 poblaciones de México, *Revista de investigación clínica*, 56(6): 829-830.

REYNOLDS, J., B. S. WEIR, C. C. COCKERHAM

1983 Estimation of the Coancestry Coefficient: Basis for a short term genetic distance, *Genetics*, 105(3): 767-779.

RUIZ LINARES, A., D. ORTIZ BARRIENTOS, M. FIGUEROA, N. MESA, J.G. MÚNERA, G. BEDOYA, I. D. VÉLEZ, L. GARCÍA, A. PÉREZ LEZAUN, J. BERTRANPETIT, M. W. FELDMAN Y D. B. GOLDSTEIN

1999 Microsatellites provide evidence for Y chromosome diversity among the founders of the New World, *Proceedings National Academy of Sciences USA*, 96: 6312-6317.

SCHEFFLER, L.

1999 *Los indígenas mexicanos*, Editorial Panorama, México, D. F.

SCHNEIDER, M.T., D. ROESSLI, L. EXCOFFIER

2000 ARLEQUIN version 2000: *a software for population genetic analysis*. *Genetics and biometry laboratory*, University of Geneva, Génova.

TORRES RODRÍGUEZ, M., G. MARTÍNEZ CORTÉS, L. A. PÁEZ RIBEROS, L. SANDOVAL, J. F. MUÑOZ VALLE, J. M. CEBALLOS QUINTAL, D. PINTO ESCALANTE Y H. RANGEL VILLALOBOS

2005 Forensic potential of the STR DXYS156 in mexican populations: inference of X-linked allele null, *Legal medicine*, 8(1): 52-54.

ZEGURA, S. L., T. M. KARAFET, L. A. ZHIVOTOVSKY Y M. F. HAMMER

2004 High-resolution SNPs and microsatellite haplotypes point to a single, recent entry of native American Y chromosome into the Americas, *Molecular biology evolution*, 21(1): 164-175.

