

# 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*

# HAPLOTIPOS STRS EN CROMOSOMAS Y AMERINDIOS DE POBLACIONES MEXICANAS: EVIDENCIA GENÉTICA DEL ORIGEN BIPARENTAL DE LA ETNIA HUICHOL

Héctor Rangel Villalobos  
José Francisco Muñoz Valle\*  
A. González Martín\*  
Luis Antonio Páez Riberos

*Laboratorio de Genética Molecular, Centro Universitario de la Ciénega,  
Universidad de Guadalajara*

*\*Laboratorio de Inmunología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud,  
Universidad de Guadalajara*

*Centro de Investigaciones sobre el Estado de Hidalgo, Edificio CEVIDE,  
Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo*

## RESUMEN

El cromosoma Y (CY) define el sexo masculino en humanos; existe una mutación C®T (M3) que establece su origen geográfico como *amerindio*. Los marcadores STRS tienen una tasa de mutación relativamente alta que permite analizar procesos microevolutivos. Para indagar el proceso de diversificación de los CY amerindios (M3) en nuestro país estudiamos seis Y-strS en 129 varones de ocho poblaciones mexicanas. Nuestra discusión se centra en los huicholes, donde su baja diversidad genética hizo evidente efectos de deriva génica y/o efecto fundador atribuible a su aislamiento geográfico. En el análisis de redes de haplotipos sobresalieron dos grandes agrupaciones de CY huicholes, los cuales concuerdan con antecedentes antropométricos e históricos que indican que se crearon por la fusión de dos etnias ancestrales (Diguét 1982). Las distancias genéticas y la relación directa entre Y-haplotipos huicholes y tarahumaras corroboran su filiación lingüística con la biológica. Los purépechas se caracterizaron por una gran diversidad genética y una amplia distribución de sus haplotipos en la red, lo cual parece ser resultado de su importancia política en

Mesoamérica y/o su formación tardía en el Posclásico. Finalmente, la estrecha relación entre nahuas y mestizos sugiere que esta etnia ha contribuido más al componente genético paterno de los mestizos, respecto a las demás etnias incluidas en este estudio.

PALABRAS CLAVE: antropología, genética, cromosoma-Y, huicholes, amerindios.

### ABSTRACT

The Y-chromosome (YC) establishes the male gender in humans. It has been described as C@T mutation (M3) that defines the YC origin as *Amerindian*. The STRs markers have a relatively high mutation rate, which makes it easier to analyze microevolutionary processes. We analyzed the diversification process of Amerindian Y chromosomes (M3) by means of 6 Y-STRs in 129 males from 8 Mexican populations. Our discussion was focused on Huichols, who had the lowest Y-STR genetic diversity, suggesting genetic drift effects and/or founder effects attributable to their geographical isolation. The presence of two principal paternal lineages in the network-joining tree, supported historical and anthropometric records, which indicate that Huichols were formed by the fusion of two ancestral tribes (Diguét 1982); the genetic distances and close haplotype relationship between Huichols and Tarahumaras were in agreement with their linguistic affiliation. The high genetic diversity of Purépechas and wide distribution of their haplotypes, suggest their present genetic composition was influenced by their dominance in western Mesoamerica and/or his late formation in Posclassic time. The Y-haplotypes shared between populations suggest that, among the Amerindian tribes studied herein, the paternal genetic pool of Nahuas could have contributed more importantly to the Mexican-Mestizos.

KEY WORDS: anthropology, genetics, chromosome-Y, Huicholes, Amerindios.

### INTRODUCCIÓN

Debido a la herencia lineal de padres a hijos varones al escapar de la recombinación, el estudio de marcadores en la región no pseudoautosómica del cromosoma Y (CY) ha demostrado su capacidad para esclarecer la historia de las poblaciones humanas (Underhill *et al.* 2001). En América, el marcador binario M3 (transición C@T) distingue los cromosomas Y de grupos étnicos de América o amerindios (Lell *et al.*

1997). En particular los STRs ligados al Y (Y-STRs), con una alta tasa de mutación, han permitido analizar la diversidad interna de haplogrupo amerindio (Ruiz Linares *et al.* 1999). Cabe recordar que al conjunto de alelos para varios Y-STRs que tiene un individuo, o un CY, se le conoce como *haplotipo*, que a su vez se agrupa en *haplogrupos*; éstos indican que tienen cierta mutación (como M3) que define su origen geográfico (amerindio).

En México existen muy pocos estudios del cromosoma Y que analicen el origen y las relaciones genéticas entre sus poblaciones (Torroni *et al.* 1994, Rangel Villalobos *et al.* 2003). Los mestizos mexicanos son las poblaciones más ampliamente distribuidas, viven tanto en regiones urbanas como rurales en todo el país; usando el lenguaje como el criterio de selección, ellos constituyen cerca del 90% de la población total de México (Fernández y Serrano 1996). Además de los mestizos, existen en México más de 60 grupos étnicos bien definidos (Scheffler 1999). Desafortunadamente, estas etnias tienden a desaparecer por su inminente absorción a la sociedad mestiza, así que está en riesgo la oportunidad de analizar este componente indígena para aceptar o rechazar hipótesis sobre su origen y procesos de diversificación propuestos por otras disciplinas, como la lingüística, etnología y arqueología. En este trabajo analizamos la diversidad del CY amerindio (Q-M3) en seis poblaciones mexicanas, mediante seis Y-STRs (DYS19, DYS389a, DYS390, DYS391, DYS392 y DY393). La evidencia genética se discute desde una perspectiva histórica, particularmente se encontró evidencia a favor de un doble origen en el linaje paterno de los huicholes.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 129 varones mexicanos no emparentados, todos ellos con la mutación amerindia M3. La muestra de mestizos consistió en 31 varones del noroeste de México. Las muestras de grupos étnicos fueron de 98 varones; de éstos 34 fueron huicholes, de la sierra Madre Occidental al norte de Jalisco y al este del estado de Nayarit; 15 purepechas de la región lacustre del estado de Michoacán; 11 tarahumaras de las montañas y cañones de Chihuahua; 24 nahuas de las tierras altas del sur de Puebla, y cuatro tzotziles de Chiapas. Se incluyeron adicio-

nalmente CY con haplogrupos Q-M3 de seis mayas y cuatro de indígenas zuni del sur de Estados Unidos (Bianchi *et al.* 1998). Las descripciones antropológicas de huicholes, purépechas y tarahumaras han sido detalladas previamente (Rangel Villalobos *et al.* 2000). Las muestras de nahuas fueron tomadas en los municipios de San José Miahuatlán y Zoquitán, Puebla. Los nahuas son el grupo étnico más abundante y ampliamente distribuido en el país; los estados de Puebla y Veracruz destacan por tener la mayor concentración de esta población. Lingüísticamente, los nahuas pertenecen al grupo nahua-cuitlateco, tronco yuto-nahua y familia nahua. Las muestras de tzotziles fueron de la villa de San Cristóbal de las Casas, en Chiapas; ellos pertenecen al grupo maya-tonaco, tronco mayense, familia mayense y subfamilia yax (Sheffler 1999). Para su inclusión en el estudio, todos los voluntarios firmaron una carta de consentimiento informado aprobado por el Comité de Ética en Investigación del CUCiénega (U. de G.).

El ADN se extrajo por métodos estándar de fenol-cloroformo y salino. Se analizaron seis Y-STRs: DYS19, DYS389a, DYS390, DYS391, DYS392 y DYS393; se usaron los iniciadores y las condiciones de PCR según un reporte previo (Rangel Villalobos *et al.* 2001). El marcador amerindio M3 se analizó de acuerdo con el protocolo reportado por Lell *et al.* (1997) con la enzima de restricción *MunI* (Life Technologies, Inc.). Los amplificados 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.

Se estimaron las frecuencias alélicas por el método de conteo y la diversidad génica como heterocigocidad teórica ( $h$ ) para cada Y-STR, así como la diversidad haplotípica ( $D$ ) con sus varianzas para la población total. Las relaciones entre poblaciones fueron analizadas por: a) haplotipos compartidos entre poblaciones; b) distancia genética medida por el coeficiente de coancestros, que se representó gráficamente en árboles generados por el método Neighbour Joining (NJ); y c) por árboles Network-joining o redes de haplotipos Y-STRs, generados con el algoritmo Reduced Median (RM); para esto la mutabilidad de los marcadores fue inversamente correlacionada con la varianza alélica de cada STR. Al final, la red de haplotipos fue purgada de conexiones superfluas con un algoritmo de parsimonia máxima (MP) (Bandelt *et al.* 1995). Para los árboles de RM medimos además el tiempo del nodo

ancestral en eventos mutacionales. Se convirtieron en años usando la frecuencia de mutación de  $3.17 \times 10^{-3}$  estimado por Kayser *et al.* (2000) y el tiempo de generación de 20 años. El análisis fue realizado con el software ARLEQUIN 2000 (Schneider *et al.* 2000), con el programa GDA versión 1.1 (Lewis y Zaykin 2001) y NETWORK 4.1.1.1 (Polzin and Daneshmand 2004).

## RESULTADOS Y CONCLUSIONES

La distribución alélica y los parámetros de diversidad de la muestra total se presentan en el cuadro 1. En general, las frecuencias de los seis Y-STRs estuvieron de acuerdo con los reportes previos de amerindios (Bianchi *et al.* 1998). Interesantemente, los purépechas presentaron la mayor diversidad genética (p y D), mientras los huicholes tuvieron la más baja; en los huicholes los resultados implican procesos de deriva génica, como se sugirió previamente con marcadores autosómicos (Rangel Villalobos *et al.* 2000), y de acuerdo con su aislamiento geográfico y cultural (Diguet 1992).

Entre los haplotipos compartidos en las poblaciones, A17, A25 y A27 fueron los más ampliamente distribuidos, respectivamente (cuadro 2). Basados en los alelos modales de cada Y-STRs, inferimos los haplotipos Y-STR ancestrales (DYS19-13, 389a-10, 390-24/23, 391-10, 392-14 y 393-13). El haplotipo más representativo fue A24 (A de *amerindio*), que fue idéntico al haplotipo ancestral amerindio 0A, previamente obtenido por Bianchi *et al.* (1998). En ambos estudios, ni A24 ni 0A fueron los más frecuentes ni los geográficamente más dispersos. Sin embargo, por su posición central A24 fue considerado el nodo ancestral en la red de haplotipos (RM network) para medir el tiempo o edad de la mutación M3 (figura 1), que fue estimada en  $17\,948.9 \pm 3\,958.1$  años. Esta estimación constituye un valor promedio de lo reportado en estudios previos con el CY (Bianchi *et al.* 1998, Ruiz Linares *et al.* 1999), que concuerdan con estudios arqueológicos y antropológicos (Crawford 1998).

Los nahuas tuvieron una distribución muy amplia a través del RM network, y compartieron un número mayor de haplotipos (cuatro) con mestizos. De igual forma, las distancias genéticas demostraron que los nahuas son el grupo étnico más cercano a los mestizos en los árboles

## Cuadro 1

Distribución alélica y parámetros de diversidad <sup>a</sup> (porcentaje) de seis Y-STRs en cromosomas Y amerindios (M3) de poblaciones mexicanas

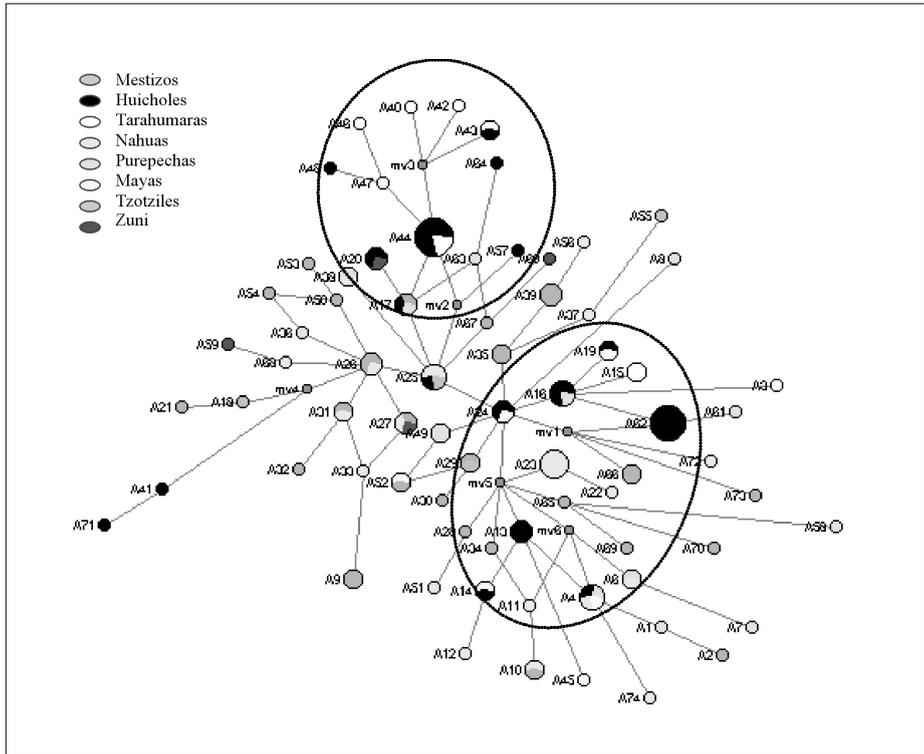
STRAllelo	n	%	± sd	STRAllelo	n	%	± ds
DYS19				DYS392			
13	105	81.4	3.4	11	1	0.8	0.8
14	24	18.6	3.4	12	5	3.9	1.7
<i>h</i> =		30.28		13	27	20.9	3.6
DYS389 I)				14	41	31.8	4.1
9	20	15.5	3.2	15	33	25.6	3.9
10	77	59.7	4.3	16	16	12.4	2.9
11	30	23.3	3.7	17	6	4.9	1.9
12	2	1.6	1.1	<i>h</i> =		77.03	
<i>h</i> =		56.50		DYS393			
DYS390				12	5	3.9	1.7
22	9	7	2.3	13	107	82.9	3.3
23	51	39.5	4.3	14	14	10.9	2.7
24	51	39.5	4.3	15	3	2.3	1.4
25	14	10.9	2.7	<i>h</i> =		29.88	
26	4	3.1	1.5	Parámetros de diversidad <sup>a</sup>			
<i>h</i> =		67.02		Población <sup>b</sup>	n <sup>b</sup> (#)	D	p
DYS391				Mestizos	31 (25)	98.49 ± 1.2	3.15
9	15	11.6	2.8	Huichol	34 (15)	89.85 ± 3.2	2.3
10	82	63.6	4.3	Purépecha	15 (14)	99.05 ± 2.8	3.4
11	30	23.3	3.7	Tarahumara	11 (9)	96.35 ± 5.1	2.65
12	2	1.6	1.1	Nahua	24 (19)	96.07 ± 3.1	2.89
<i>h</i> =		52.75		TOTAL <sup>a</sup>	129 (74)	98.5 ± 3.7	3.16

a. Diversidad génica (*h*); Diversidad haplotípica (D); Tamaño de muestra y número de haplotipos diferentes (#); Promedio de diferencias pareadas (p).

b. Las poblaciones con tamaño de muestra menores de diez individuos no son incluidos.

filogenéticos (figura 2). Lo anterior sugiere que, de entre los grupos étnicos que estudiamos, el componente genético paterno de los nahuas pudo contribuir más a los mestizos que el resto, lo cual puede ser explicado por su amplia distribución geográfica en 11 diferentes estados de México (Mansferrez y Báez Cubero 1995).

En los huicholes sobresalieron por su alta frecuencia dos haplotipos no directamente relacionados (A44= 20.6% y A62= 23.5%). Esto puede



*Figura 1.* Red de haplotipos Y-STRs generado por algoritmo RM en cromosomas Y amerindios (Q-M3) en poblaciones mexicanas. El tamaño de los círculos corresponde a la frecuencia de haplotipos, y la longitud de las uniones son proporcionales al número de mutaciones entre haplotipos. Los círculos grandes indican los dos principales linajes ligados con el Y en huicholes.

ser resultado de poligamia, práctica a la fecha poco común en huicholes, pero antes llevada a cabo (Diguet 1992), y/o por deriva génica previamente descrita con marcadores autosómicos (Rangel Villalobos *et al.* 2000). Para su discusión estos haplotipos frecuentes fueron considerados como dos grupos principales en huicholes (figura 1). El grupo A44 fue derivado del haplotipo ancestral A25, e incluyó principalmente a tarahumaras y huicholes. Aunque los haplotipos A41 y A71 encontrados en huicholes parecen estar muy lejanos del grupo A44 (figura 1, lado izquierdo), están ligados a A40 por sólo uno o dos eventos mu-

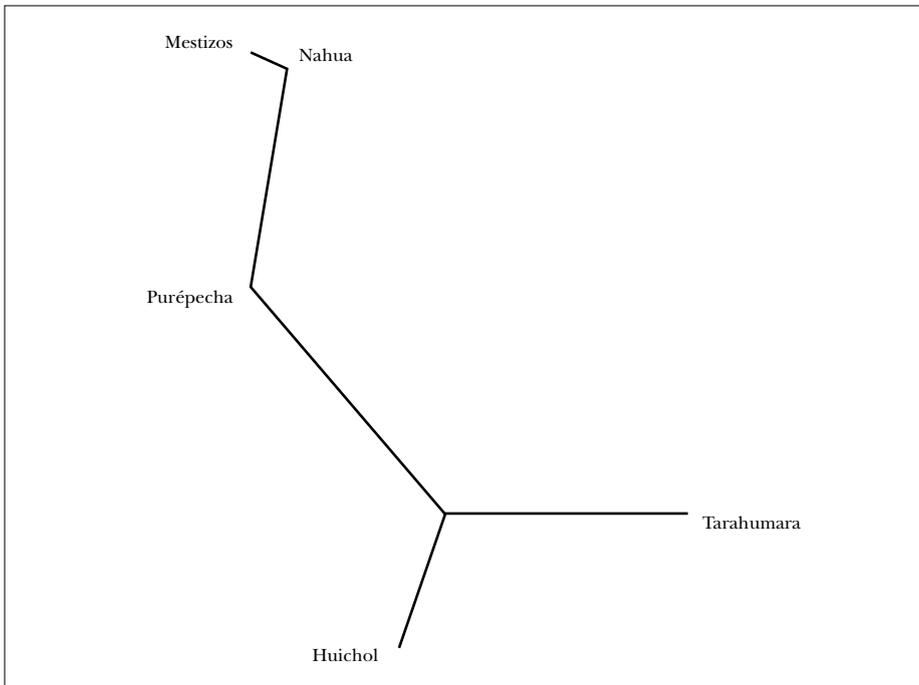


Figura 2. Árbol NJ entre cinco poblaciones mexicanas basadas en haplotipos de STRs de cromosoma Y en grupos étnicos (Q-M3). Grupos con tamaño de muestra menor a diez individuos fueron omitidos.

tacionales, respectivamente (cuadro 2). Por ello estos haplotipos huicholes actualmente podrían pertenecer al grupo A44, haciendo a este grupo más robusto. Esta cercanía de los haplotipos tarahumaras y huicholes está de acuerdo con la estrecha relación genética inferida que se muestra en el árbol filogenético (figura 2), además de su afiliación lingüística dentro de la familia uto-azteca, y con resultados genéticos previos (Rangel Villalobos *et al.* 2000). El grupo A62 se deriva del haplotipo ancestral A24 (0A de Bianchi *et al.* 1998), e incluye haplotipos de la mayoría de grupos étnicos de México, sugiriendo que el grupo A62 es más ancestral que el A44. Interesantemente, la tradición dice que los huicholes provienen de *Hicuripa*, un lugar geográficamente ubicado al centro-norte del país, presumiblemente en el estado de San Luis Potosí. Una fracción de este grupo habría sobrevivido al migrar a las montañas de Nayarit, guiados por un mítico líder llamado *Majakuagy*,

donde se fusionaría con grupos nativos del lugar, como teules, tepéhuanos, coras, cascanes, etcétera, formando los actuales huicholes (Diguet 1992). Este hecho es fundamentado por la existencia de dos fenotipos físicos básicos y la presencia de individuos con diferente morfología craneal: braquicéfalos y dolicocefalos. Se ha interpretado que el grupo más primitivo fue de braquicéfalos, mientras que los dolicocefalos serían los más avanzados, trayendo la religión, artes y agricultura que actualmente constituyen la cultura huichol (Diguet 1992). De acuerdo con estos datos históricos, nuestros resultados revelan la presencia de dos principales linajes paternos del cromosoma Y en huicholes, un ancestro derivado de A24 (grupo A62) y uno más reciente derivado de A25 (grupo A44). La presencia de grupos del centro-norte en el grupo A44 (tarahumaras, indígenas zuni y purépechas, principalmente) sugiere que esta línea del CY representa una migración de un grupo del norte que llegó más recientemente a las montañas de Nayarit. Aunque nuestros resultados fundamentan un origen doble de esta etnia mexicana, estos datos deben confirmarse con una muestra más amplia de huicholes.

El origen de los purépechas se relaciona con la mezcla entre chichimecas, nahuas y comunidades de pre-tarascos; además, se han involucrado migraciones del Perú a través de la costa del Pacífico, lo cual se fundamenta por evidencias lingüísticas, arqueológicas y etnográficas. En particular, a los purépechas se les ha considerado un grupo aislado lingüísticamente, sin relaciones directas con otros mesoamericanos, y más bien se han relacionado con grupos del norte y sur de América, como los quechua-aymara de Perú y los indios zuni del sur de Estados Unidos (Argueta Villamar 1995). Antecedentes históricos indican que los purépechas fueron una de las culturas prehispánicas más importantes en el periodo Posclásico, quienes tuvieron un amplio dominio en la zona occidente de Mesoamérica (70 000 km<sup>2</sup>), incluyendo los estados de Michoacán, Guerrero, Jalisco y Colima (Michelet 2001). De hecho, los purépechas fueron uno de los pocos grupos que resistieron la expansión de los aztecas antes de la conquista (Solís Olguín 2003). Este predominio de los purépechas en el occidente de Mesoamérica pudiera ser el factor que explique la amplia distribución de sus haplotipos en RM network (figura 1), así como su elevada diversidad genética, inclusive mayor que la de los mestizos (cuadro 1), tanto para los mar-

*Cuadro 2*  
**Haplotipos amerindios (M3) a partir de 6 Y-STRs encontrados en poblaciones mexicanas**

ID	dys19, 89-I, 90,91,92,93	Mestizo	Tarahumara	Huichol	Purépecha	Tzotzil	Nahua	Maya	Zuni	Total de grupos
A1	13 09 22 10 13 13	0	0	0	1	0	0	0	0	1
A2	13 09 22 10 13 14	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A3	13 09 22 10 14 13	0	1	0	0	0	0	0	0	1
A4	13 09 23 09 13 13	0	0	0	0	0	1	1	0	2
A5	13 09 23 10 13 13	0	0	1	1	0	0	0	0	2
A6	13 09 24 09 13 13	0	0	0	1	0	1	0	0	1
A7	13 09 24 09 13 15	0	0	0	1	0	0	0	0	1
A8	13 09 24 09 14 15	0	0	0	1	0	0	0	0	1
A9	13 09 24 11 17 14	2	0	0	0	0	0	0	0	2
A10	13 09 25 09 13 13	1	0	0	0	0	1	0	0	2
A11	13 09 25 10 13 13	0	0	0	0	0	1	0	0	1
A12	13 10 23 09 13 14	0	0	0	0	0	1	0	0	1
A13	13 10 23 10 13 13	0	0	3	0	0	0	0	0	3
A14	13 10 23 10 13 14	0	0	0	0	0	0	2	0	2
A15	13 10 23 10 14 12	0	2	0	0	0	0	0	0	2
A16	13 10 23 10 14 13	0	0	3	1	0	0	0	0	4
A17	13 10 23 10 15 13	1	0	1	1	0	0	0	0	3
A18	13 10 23 10 16 14	0	0	0	0	1	0	0	0	1
A19	13 10 23 11 14 13	0	1	0	1	0	0	0	0	2
A20	13 10 23 11 15 13	0	0	2	0	0	0	0	1	3
A21	13 10 23 11 16 14	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A22	13 10 24 10 11 13	0	0	0	0	0	1	0	0	1
A23	13 10 24 10 12 13	0	0	0	0	0	5	0	0	5

ID	dys19, 89-I, 90,91,92,93	Mestizo	Tarahumara	Huichol	Purépecha	Tzotzil	Nahua	Maya	Zuni	Total de grupos
A24	13 10 24 10 14 13	0	0	2	0	0	0	1	0	3
A25	13 10 24 10 15 13	0	0	1	0	1	2	0	0	3
A26	13 10 24 10 16 13	2	0	0	0	0	1	0	0	3
A27	13 10 24 10 17 13	1	0	0	0	0	1	0	1	3
A28	13 10 24 11 13 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A29	13 10 24 11 14 13	1	0	0	0	1	0	0	0	2
A30	13 10 24 11 14 14	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A31	13 10 24 11 16 13	1	0	0	0	0	1	0	0	2
A32	13 10 24 11 16 14	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A33	13 10 24 11 17 13	0	0	0	0	0	1	0	0	1
A34	13 10 25 10 13 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A35	13 10 25 10 14 13	2	0	0	0	0	0	0	0	2
A36	13 10 25 10 16 13	0	0	0	1	0	0	0	0	1
A37	13 10 25 11 14 13	0	0	0	0	0	1	0	0	1
A38	13 10 25 11 15 13	0	0	0	1	0	1	0	0	2
A39	13 10 26 10 14 13	3	0	0	0	0	0	0	0	3
A40	13 11 22 09 15 13	0	1	0	0	0	0	0	0	1
A41	13 11 22 09 16 13	0	0	1	0	0	0	0	0	1
A42	13 11 22 10 15 12	0	1	0	0	0	0	0	0	1
A43	13 11 22 10 15 13	0	1	1	0	0	0	0	0	2
A44	13 11 23 10 15 13	0	2	7	0	0	0	0	0	9
A45	13 11 23 11 13 13	0	0	0	0	0	0	1	0	1
A46	13 11 23 11 15 12	0	1	0	0	0	0	0	0	1
A47	13 11 23 11 15 13	0	1	0	0	0	0	0	0	1
A48	13 11 23 12 15 13	0	0	1	0	0	0	0	0	1
A49	13 11 24 10 14 13	0	0	0	2	0	0	0	0	2
A50	13 11 24 10 16 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A51	13 11 24 11 13 13	0	0	0	0	0	1	0	0	1

*Cuadro 2 (Continuación...)*  
**Haplotipos amerindios (M3) a partir de 6 Y-STRs encontrados en poblaciones mexicanas**

ID	dys19, 89-I, 90,91,92,93	Mestizo	Tarahumara	Huichol	Purépecha	Tzotzil	Nahua	Maya	Zuni	Total de grupos
A52	13 11 24 11 14 13	1	0	0	0	0	0	1	0	2
A53	13 11 24 11 16 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A54	13 11 25 10 16 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A55	13 11 25 11 14 14	0	0	0	0	1	0	0	0	1
A56	13 11 26 10 14 13	0	0	0	0	0	1	0	0	1
A57	13 12 24 10 15 13	0	0	1	0	0	0	0	0	1
A58	14 09 24 09 13 15	0	0	0	1	0	0	0	0	1
A59	14 09 24 10 16 13	0	0	0	0	0	0	0	1	1
A60	14 09 24 11 15 13	0	0	0	0	0	0	0	1	1
A61	14 10 23 09 14 13	0	0	0	1	0	0	0	0	1
A62	14 10 23 10 14 13	0	0	8	0	0	0	0	0	8
A63	14 10 23 10 15 13	0	0	0	1	0	0	0	0	1
A64	14 10 23 12 15 13	0	0	1	0	0	0	0	0	1
A65	14 10 24 10 13 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A66	14 10 24 10 14 14	2	0	0	0	0	0	0	0	2
A67	14 10 24 10 15 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A68	14 10 24 10 16 13	0	0	0	0	0	1	0	0	1
A69	14 10 24 11 13 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A70	14 10 25 11 13 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A71	14 11 22 09 16 13	0	0	1	0	0	0	0	0	1
A72	14 11 24 10 14 12	0	0	0	0	0	1	0	0	1
A73	14 12 25 10 14 13	1	0	0	0	0	0	0	0	1
A74	13 09 23 09 13 14	0	0	0	0	0	1	0	0	1

cadros ligados al Y como para los autosómicos (Rangel Villalobos *et al.* 2000).

En conclusión, en este trabajo se describen las relaciones genéticas vía paterna entre las poblaciones mexicanas muestreadas. Nuestros resultados proveen información con respecto a: 1) el doble origen de los huicholes; 2) el impacto genético de la importancia prehispánica del grupo purépecha; y 3) que la amplia distribución geográfica de los nahuas pudiera haber influido en el presente componente genético de los mestizos.

### Agradecimientos

Agradecemos a las químico fármaco biólogas Vania Navarro, Cristina Camacho y Alejandra Moreno por su valiosa asistencia técnica. Este trabajo fue financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) con el N° 33949 para Héctor Rangel. Agradecemos a CONACyT por su apoyo doctoral para Luis A. Páez.

### REFERENCIAS

ARGUETA VILLAMAR, A.

1995 Los purépechas, *Etnografía contemporánea de los pueblos indígenas de México, región centro*, Instituto Nacional Indigenista (INI), México, D. F.: 217-289.

BANDELT, H. J., P. FORSTER, B. C. SYKES Y M. B. RICHARDS

1995 Mitochondrial portraits of human populations, *Genetics*, 141: 743-745.

BIANCHI, N. O., C. I. CATANESI, G. BAILLIET, V. L. MARTÍNEZ MARIGNAC, C. BRAVI, L. B. VIDAL RIOJA, R. J. HERRERA, J. S. LÓPEZ CAMELO

1998 Characterization of ancestral and derived Y-chromosome haplotypes of New World native populations, *American journal human genetics*, 63: 1862-1871.

CRAWFORD, M. H.

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

DIGUET, L.

- 1992 *Por tierras occidentales entre sierras y barrancas*, Centro de Estudios Mexicanos y Centroamericanos de la Embajada de Francia en México-Instituto Nacional Indigenista, México, D. F.

FERNÁNDEZ, P. Y E. SERRANO

- 1996 *The indigenous population of Mexico as counted by the 1990 and 1995 censuses (CONAPO/DAF-INAH)*, Meeting of the Mexican Demography Society.

KAYSER, M., L. ROEWER, M. HEDMAN, L. HENKE, S. BRAUER, C. KRÜGER, M. KRAWCZAK, M. NAGY, T. DOBOSZ, R. SZIBOR, P. DE KNIJFF Y A. SAJANTILLA

- 2000 Characteristics and frequency of germline mutations at microsatellite loci from the human Y-chromosome, as revealed by direct observation in father/son pairs, *American journal of human Genetics*, 66: 1580-1588.

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 haplotypes, *Human genetics*, 100: 536-543.

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>.

MANSFERREZ, E. Y L. BÁEZ CUBERO

- 1995 Nahuas de la sierra norte de Puebla, *Etnografía contemporánea de los pueblos indígenas de México, región oriental*, Instituto Nacional Indigenista (INI), México, D. F.: 167-206.

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.

POLZIN, T. Y S. V. DANESHMAND

- 2004 Network 4.1.1.1. *Fluxus technology Ltd. Steiner Algorithm*.

RANGEL VILLALOBOS, H., F. RIVAS, L. SANDOVAL, Z. GARCÍA CARVAJAL, J. M. CANTÚ Y L. E. 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., A. R. JALOMA CRUZ, L. SANDOVAL, J. S. VELARDE FÉLIX, M. P. GALLEGOS ARREOLA Y L. E. FIGUERA

2001 Y-chromosome haplotypes for six STRs in a mexican population, *Archives of medical research*, 32: 232-237.

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

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

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, EUA, 96 :6312-6317.

SCHEFFLER, L.

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

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

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

SOLÍS OLGUÍN, F.

2003 *Aztecas, Arqueología mexicana*, edición especial 13, Edit. Raíces, CONACULTA, INAH.: 10-15.

TORRONI, A., Y. CHEN, O. A. SEMINO, A. S. SANTACHIARA BENECERETTI, C. R. SCOTT, M. T. LOTT, M. WINTER Y D. C. WALLACE

1994 mtDNA and Y-chromosome polymorphisms in four native american populations from Southern Mexico, *American journal human of genetics*, 54: 303-318.

UNDERHILL, P. A., G. PASSARINO, A. A. LIN, P. SHEN, M. M. LAHR, R. A. FOLEY, P. J. OEFNER Y L. L. CAVALLI SFORZA

2001 The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations, *Annals of human genetics*, 65: 43-62.

