

# RELACIONES FILOGENÉTICAS DE LOS GRUPOS OTOMÍES A PARTIR DE MARCADORES GENÉTICOS

Antonio González-Martín,<sup>1, 2</sup> Marta Cruz González,<sup>3</sup>  
Montserrat Ortega,<sup>4</sup> Pascual Moreno,<sup>2</sup> Emili Huguet,  
Jacint Corbella<sup>4</sup> y Manel Gené<sup>4</sup>

*<sup>1</sup>Centro de Investigaciones sobre el Estado de Hidalgo,  
Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo*

*<sup>2</sup>Laboratorio de Antropología, Departamento de Biología Animal,  
Facultad de Biología, Universidad de Barcelona*

*<sup>3</sup>Dirección de Investigación, Servicios de Salud de Hidalgo*

*<sup>4</sup>Departamento de Medicina Legal y Forense, Facultad de Medicina,  
Universidad de Barcelona*

## RESUMEN

En los últimos años las investigaciones moleculares en el campo de la biología humana han demostrado, de forma concluyente, su potencial científico. Al margen de sus aplicaciones en medicina forense las investigaciones moleculares son una herramienta fundamental para investigar aspectos sobre evolución y diversidad humana.

En el presente trabajo se han analizado cuatro microsatélites autosómicos (HumVWA, HumTH01, HumCSF1PO y HumTPOX) de varias comunidades indígenas del valle de Ixmiquilpan, estado de Hidalgo; todos distribuidos bajo el equilibrio de Hardy-Weinberg.

A partir de la aplicación de métodos de estadística multivariante se han comparado estos resultados con los publicados en revistas especializadas de otras poblaciones del continente. De los resultados se pueden destacar dos aspectos: una clara relación filogenética entre los grupos autóctonos del continente americano y una falta de investigaciones profundas en este campo que impiden aprovechar el potencial que los métodos de análisis estadísticos permiten.

**PALABRAS CLAVE:** filogenia, otomíes, microsatélites, poblaciones americanas.

## ABSTRACT

In the last years molecular research on human biology field has shown, in a conclusive way, its scientific potential. On the margins of its usage in forensic medicine, molecular research is an essential tool for investigating aspects on evolution and human diversity.

In this work, four autosomic micro satellites (HumVWA, HumTH01, HumCSF1PO and HumTPOX) of several Otomi native communities from Valle of Ixmiquilpan in the state of Hidalgo, have been analyzed; all distributed under Hardy-Wienberg's balance.

From multivariant statistical methods, these outcomes have been compared with those published on specialized journals in other continental populations. From the outcomes two aspects outstand. On one side a clear phylogenetic relationship among native on this field, thus, preventing to take full advantage of the potential allowed statistical methods.

KEY WORDS: phylogenic, Otomies, microsateclites, American populations.

## INTRODUCCIÓN

Este trabajo forma parte del proyecto "Origen de los pueblos americanos: una aproximación al poblamiento de América a través de la biología molecular", subvencionado por la Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Dicho proyecto tiene un doble objetivo: contribuir al conocimiento del origen de los pueblos amerindios mediante investigaciones moleculares y obtener información sobre las afinidades genéticas que existen entre diferentes comunidades indígenas. En definitiva, aportar conocimientos sobre la historia biológica y la diversidad (Cavalli-Sforza *et al.*, 1994; Sala *et al.*, 1998; Watson *et al.*, 1998; Parra *et al.*, 1999) de los pueblos amerindios y contrastar estos resultados con la información aportada por otras disciplinas como la antropología física, la antropología social, la historia, la etnohistoria y la arqueología. Por otro lado, pretende aportar información en el área de la medicina forense mediante el estudio de marcadores poblacionales (Nellemann *et al.*, 1994; Amorin *et al.*, 1995; Mika *et al.*, 1996).

Para llevar a cabo estos cometidos se utilizaron diferentes técnicas moleculares basadas, principalmente, en la determinación de la frecuencia génica de algunos microsateclites autosómicos o STR's, conocidos por sus siglas en inglés Short Tandem Repeats (Gené *et al.*,

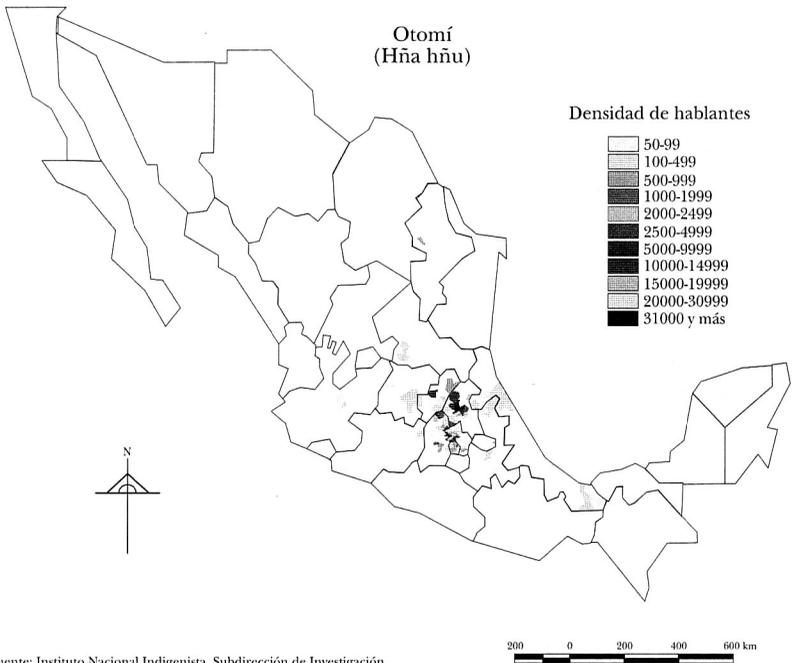
1996; Pinheiro *et al.*, 1997; Budowle *et al.*, 1997; Gené *et al.*, 1998). Estas técnicas se han aplicado en los últimos años, con interesantes resultados, en el estudio de la evolución y de las relaciones filogenéticas entre poblaciones humanas (Bowcock *et al.*, 1994; Di Renzo *et al.*, 1994; Deka *et al.*, 1995). De hecho, la información obtenida mediante el estudio de la frecuencia de alelos de estos microsatélites concuerda, de forma general, con la aportada mediante otras técnicas como marcadores nucleares, incluyendo loci clásicos, enzimas de restricción (RFLP's) e inserción de polimorfismos Alu (Nei y Roychoudhury, 1993; Jorde *et al.*, 1995, Nei y Takezaki, 1996; Stoneking *et al.*, 1997).

En este trabajo se expone, en forma de frecuencias alélicas, los resultados obtenidos al analizar cuatro de estos microsatélites (HumVWA, HumTH01, HumCSF1PO y HumTPOX) en tres comunidades otomíes situadas en el municipio del Cardonal, valle de Ixmiquilpan, estado de Hidalgo. Pero el objetivo final del trabajo va más allá de la mera exposición de los datos. El fundamento es obtener información sobre las relaciones filogenéticas que existen entre diferentes grupos humanos que habitan en el continente americano. Para ello se ha realizado un vaciado bibliográfico en el que se han seleccionado 23 poblaciones del continente. Posteriormente, y mediante técnicas de estadística, se han reconstruido las relaciones genéticas entre las poblaciones disponibles.

## MATERIAL Y MÉTODOS

El estado de Hidalgo está situado en la parte central de México, ocupa una superficie de 20.183 km<sup>2</sup> (figura 1). Es un estado de contrastes extremos tanto climática como geográficamente. En el oeste del estado se detectan regiones semidesérticas, como el valle de Ixmiquilpan, con una pluviosidad anual de 250 mm anuales y en el noreste zonas de selva húmeda, como La Huasteca o la Sierra Otomí-Tepéhua, en la que pueden detectarse precipitaciones superiores a 1800 mm anuales (Gobierno del Estado, 2000; INEGI, 2000). La altitud, también muy variable, oscila entre 600 m en La Huasteca hasta cotas superiores a los 3 000 m, en Acaxochitlan o Real del Monte.

Inicialmente el proyecto contempla el análisis y estudio de los tres grupos indígenas que se encuentran en el estado de Hidalgo.



Fuente: Instituto Nacional Indigenista. Subdirección de Investigación.  
Atlas de las Lenguas Indígenas de México. México D.F.

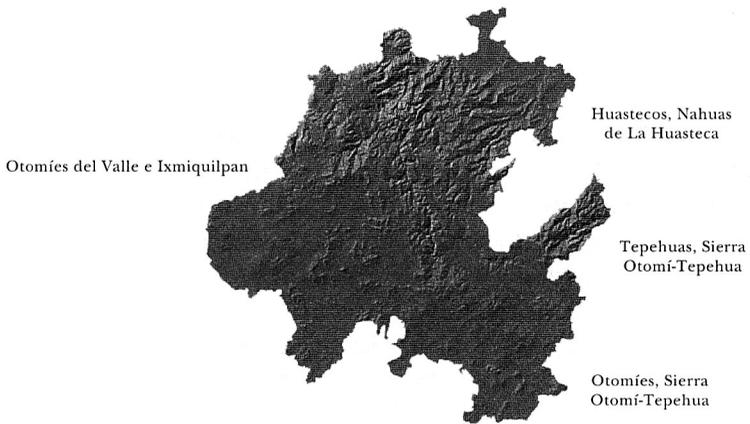


Figura 1. Localización del estado de Hidalgo y las áreas muestreadas para realizar el trabajo.

Los otomíes se distribuyen, preferentemente, en el valle de Ixmiquilpan, situado en el centro-oeste del estado y en la sierra Otomí-Tepehua; en el este colinda con el estado de Puebla. Los nahuas, en este caso también llamados huastecos, se localizan en las selvas húmedas del norte del estado. Por último, están los tepehuas, escasamente representados en un solo municipio de la sierra (Guerrero, 1986).

La Dirección de Investigación de la Coordinadora de Salud del Estado de Hidalgo apoyó el acceso a las comunidades y la toma de muestras. Los análisis moleculares se llevaron a cabo en el laboratorio de Medicina Legal y Forense de la Facultad de Medicina de la Universidad de Barcelona y en el Institut Universitaire de Médecine Légale de Lausanne, Université de Lausanne, Suiza.

El proceso de muestreo fue muy riguroso y consistió en la selección de las comunidades geográficamente más aisladas del estado. Una vez realizada la primera selección se tuvieron en cuenta parámetros como el idioma, el tamaño de la población y, una vez ubicadas las comunidades, el parentesco existente entre las personas que formaron parte de la muestra. En el cuadro I se detallan el tamaño de la muestra, las localidades, los grupos indígenas y su ubicación.

El presente trabajo expone los resultados obtenidos a partir de muestras de cabello de las comunidades de El Buena, El Deca y San Andrés Daboxthá, es decir, de los grupos étnicos otomíes del valle de Ixmiquilpan.

Se analizaron cuatro microsatélites (STR) de diferentes loci, concretamente de HumTPOX, HumCSF1PO, HumTH01 y HumVWA. La extracción de ADN de los cabellos se realizó mediante resinas quelantes: Chelex TM. La amplificación, tres loci a la vez, en la PCR de HumTH01, HumCSF1PO y HumTPOX, y singleplex para el polimorfismo HumVWA. No se utilizaron kits y se emplearon métodos manuales. Posteriormente, se hizo una comprobación de la amplificación mediante geles submarinos de agarosa con bromuro de etidio. La electroforesis de secuenciación se realizó en geles de poliacrilamida desnaturalizantes en electroforesis vertical, con secuenciador automático de fluorescencia láser (ALF Pharmacia). Hay que advertir que los cuatro loci no se solapan en tamaño y que, por lo tanto, se pueden cargar en una misma línea de electroforesis.

Estos datos se compararon con los de otras poblaciones del continente americano en las que se han analizado algunos de estos

*Cuadro 1*

## Grupo étnico, región geográfica, municipio, localidad, población indígena y tamaño de la muestra utilizada para la investigación

Grupo étnico	Localización geográfica	Municipio	Localidad	Población indígena	Tamaño muestral	
Náhuatl	La Huasteca	Xochiatipan	Ixtaczoquico	1.328	46	
			Texoloc	911	33	
		Yahualica	Atlaco	656	36	
			Tlachiyahualica	1.616	34	
		Atlapexco	Pahactla	1.056	24	
			Tecacahuaco	1.150	45	
Huejutla	Santa Catarina	658	34			
Otomí	Valle de Ixmiquilpan	Cardonal	<b>El Buena</b>	679	31	
			<b>El Deca</b>	546	34	
			<b>San Andrés Badoxthá</b>	751	32	
		Sierra Otomí-Tepehua	Tenango	San Nicolás de Doria	1.269	22
				Santa Mónica	1.081	25
				San Bartolo Tutotepec	416	34
Tepehua	Sierra Otomí-Tepehua	Huehuetla	Huehuetla	1.233	66	
Total					496	

Las poblaciones utilizadas en este trabajo se señalan en negritas.

mismos marcadores (cuadro 2). Para ello se utilizaron técnicas de estadística multivariante consistentes, básicamente, en el cálculo de las distancias genéticas entre poblaciones mediante la aplicación de la distancia euclídea al cuadrado. La representación gráfica se llevó a cabo mediante el método de agrupación UPGMA que expresa de forma jerárquica las relaciones genéticas entre poblaciones. Para estas representaciones se utilizó, inicialmente, el máximo número de poblaciones, aunque estuvieran representadas por tan sólo dos de los marcadores genéticos. Posteriormente, y debido a la pobre representación de poblaciones en las que se han llevado a cabo estas investigaciones, se realizaron las mismas representaciones para 16 poblaciones con tres STR's y, por último, seis poblaciones con los cuatro marcadores.

## Cuadro 2

Poblaciones de América comparadas con los datos moleculares obtenidos en el presente estudio. Se detalla el número de microsátélites estudiado en cada una de las poblaciones

	STR'S				Referencias
	Hum CSFIPO	Hum TPOX	Hum TH01	Hum VWA	
Indios Dogrib Noroeste, Canadá	X		X		Deka <i>et al.</i> , 1999
Caucasoides franceses Quebec, Canadá	X	X	X	X	Busque <i>et al.</i> , 1997
Afro americanos, EUA	X	X	X	X	Smith, 1997
Afro americanos de Chicago, EUA	X	X	X		Destro-Bisol <i>et al.</i> , 1999
Caucasoides, EUA	X	X	X	X	Smith, 1997
Caucasoides de Maine, EUA	X	X	X	X	Kupferschmid <i>et al.</i> , 1999
Mestizos de Jalisco, México	X		X	X	Rangel <i>et al.</i> , 1999
Otomíes, valle de Ixmiquilpan	X	X	X	X	González-Martín <i>et al.</i> , 2001
Cabecar, Costa Rica	X		X		Deka <i>et al.</i> , 1999
Mestizos de Colombia Valle de Cauca, mestizos de Colombia	X	X	X	X	Yunis <i>et al.</i> , 2000 Gómez <i>et al.</i> , 2000
Afrobrasileños, Brasil	X		X		Deka <i>et al.</i> , 1999
Caucasoides, Brasil	X		X		Deka <i>et al.</i> , 1999
Caucasoides (Buenos Aires), Argentina	X		X		Sala <i>et al.</i> , 1998
Caucasoides (Ciudad de la Plata), Argentina	X	X	X		Tourret <i>et al.</i> , 1999
Amerindios pool, Argentina	X		X	X	Sala <i>et al.</i> , 1998
Amerindios Mapuches (Río Negro), Argentina	X		X	X	Sala <i>et al.</i> , 1998
Amerindios Mapuches, Argentina	X		X		Tourret <i>et al.</i> , 1999
Amerindios Mocovi, Argentina	X		X		Tourret <i>et al.</i> , 1999
Amerindios Tehuelche (Chubut), Argentina	X		X	X	Sala <i>et al.</i> , 1998
Amerindios Wichi (Salta), Argentina	X	X	X		Sala <i>et al.</i> , 1998
Amerindios Wichi, Argentina	X		X	X	Tourret <i>et al.</i> , 1999
Amerindios Pehuanche del sur, Chile	X		X		Deka <i>et al.</i> , 1999

## RESULTADOS

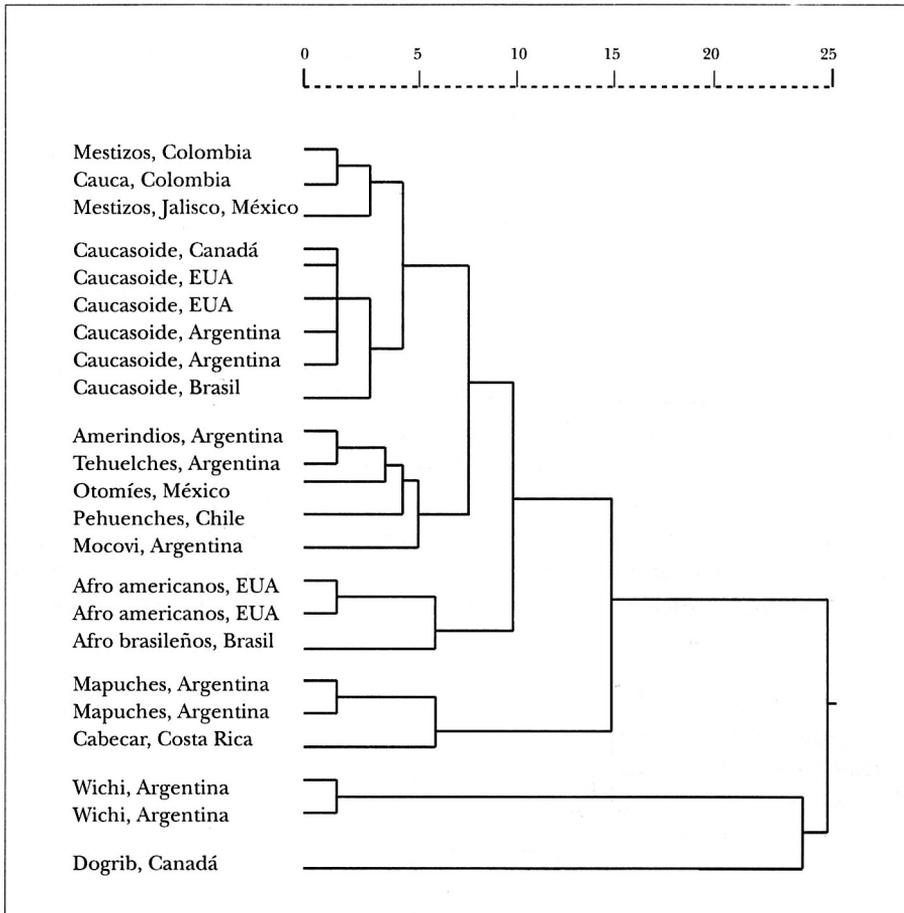
La totalidad de las frecuencias genotípicas de los cuatro marcadores se encuentran distribuidas bajo el equilibrio de Hardy-Weinberg (HumVWA,  $p=0.5118$ ; HumTH01,  $p=0.1079$ ; HumTPOX,  $p=0.6055$ ; HumCSF1PO,  $p=0.6244$ ). Las frecuencias alélicas y el número de individuos estudiados para cada marcador, se expresan en el cuadro 3.

En el marcador HumWA ( $n=53$ ) se han detectado ocho alelos con frecuencias que oscilan entre 0.018 (12 y 20) y 0.330 (16). Para HumTH01 ( $n=83$ ) el número de alelos ha sido de 6, oscilando sus frecuencias entre 0.006 (8, 9 y 10) y 0.409 (7). En HumTPOX ( $n=81$ ) se han descrito 5 alelos para la población otomí con valores comprendidos entre 0.012 (9) y 0.444 (8). Por último, en el marcador HumCSF1PO ( $n=78$ ) se han detectado otros 5 alelos cuyas frecuencias oscilan entre 0.006 (9) y 0.481 (12).

### Cuadro 3

Frecuencias alélicas de cuatro microsatélites para tres poblaciones otomíes del Cardonal, valle de Ixmiquilpan, estado de Hidalgo

ALELOS	HumTPOX (n = 81)	HumCSF1PO (n = 78)	HumTH01 (n = 83)	HumVWA (n = 53)
6	-	-	0.3735	-
7	-	-	0.4096	-
8	0.4444	-	0.0060	-
9	0.0123	0.0064	0.0060	-
9.3	-	-	0.1988	-
10	0.0185	0.1859	0.0060	-
11	0.4074	0.2885	-	-
12	0.1173	0.4808	-	0.0189
13	-	0.0385	-	-
14	-	-	-	0.0472
15	-	-	-	0.0283
16	-	-	-	0.3302
17	-	-	-	0.3208
18	-	-	-	0.1981
19	-	-	-	0.0377
20	-	-	-	0.0189



*Figura 2.* UPGMA que muestra las relaciones filogenéticas entre diferentes comunidades del continente americano. Análisis basado en 23 poblaciones y dos microsatélites; HumCSF1PO y HumTH01.

Para la construcción del primer árbol (figura 2) se han empleado 23 poblaciones y tan sólo dos microsatélites; HumCSF1PO y HumTH01. Es importante observar que de todas las comunidades incluidas en el análisis tan sólo 11 se pueden considerar como amerindias, el resto se han clasificado como caucasoides (6), mestizos (3) y afro americanos y/o afro brasileños (3).

A pesar de la limitación de la muestra, el árbol se puede interpretar claramente. Por un lado se agrupan todas aquellas poblaciones

clasificadas como mestizas, independientemente de su procedencia. Una segunda rama relaciona las poblaciones caucasoides originarias de Estados Unidos, Canadá, Argentina y Brasil. Un grupo independiente lo constituyen aquellas comunidades que han tenido ancestros africanos, ya sean de Estados Unidos o de Brasil. Los grupos amerindios se distribuyen en tres ramas independientes sin aparente relación entre ellos. Por ejemplo, una de estas agrupaciones contiene comunidades amerindias (sin que el autor especifique el origen), tehuelches y mocovi de Argentina, a los otomíes del valle de Ixmiquilpan y a los pehuenches chilenos. Un segundo grupo contiene a los mapuches originarios de Argentina y a los cabecar de Costa Rica. El último grupo estaría formado por dos poblaciones de Wichi argentinas relacionadas lejanamente con los dogrib canadienses.

A simple vista cabría esperar que las tres ramas que contienen a las comunidades amerindias estuvieran más estrechamente relacionadas, pero esto no ocurre por un problema metodológico. Al trabajar con pocos marcadores aunque sea el método adecuado para relacio-

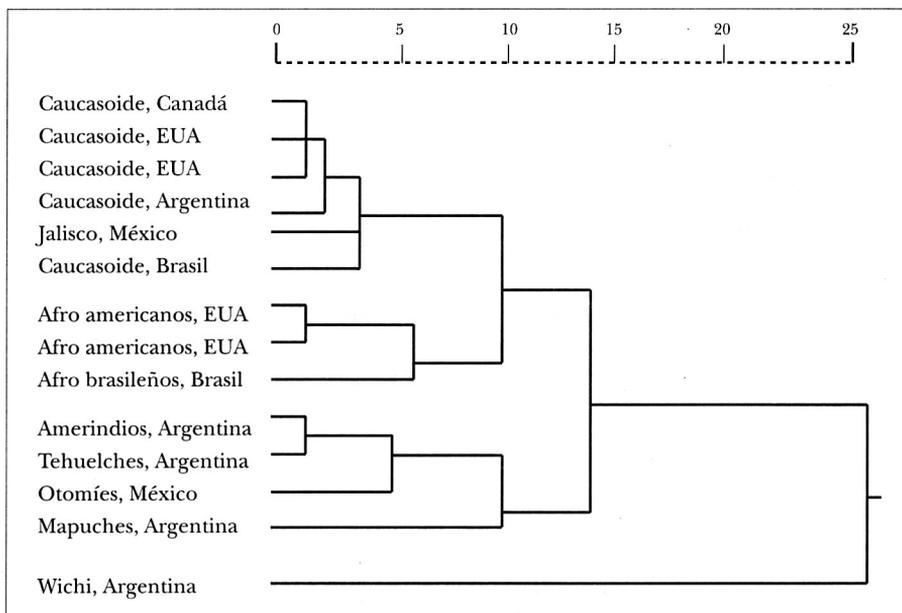
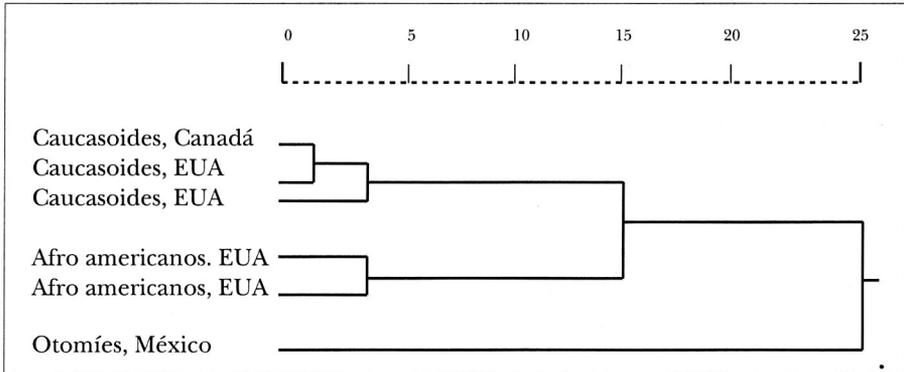


Figura 3. UPGMA que muestra las relaciones filogenéticas entre diferentes comunidades del continente americano. Análisis basado en 14 poblaciones y tres microsatélites; HumCSF1PO, HumTH01 y HumVWA.



*Figura 4.* UPGMA que muestra las relaciones filogenéticas entre diferentes comunidades del continente americano. Análisis basado en seis poblaciones y cuatro microsatélites; HumCSF1PO, HumTH01, HumVWA y HumTPOX.

nar poblaciones dentro de una rama no lo es para expresar, de forma significativa, las relaciones entre las grandes ramas.

Esta situación mejora en la segunda representación (figura 3) aunque, desgraciadamente, disminuye el número de poblaciones. En este árbol se distinguen cuatro grupos; caucasoides y mestizos (6), con ascendencia africana (3), amerindios (4) y un grupo indígena que se expresa de forma independiente: la comunidad Wichi del norte de Argentina. Dentro del primer grupo, a su vez, existe una subrelación que asocia, por una parte, a los caucasoides del norte del continente y, por otra, a mestizos y caucasoides del sur.

El último árbol, aunque más consistente, está escasamente representado por poblaciones amerindias, de hecho, tan sólo se han estudiado los cuatro marcadores en la población otomí. Como cabría esperar se distinguen tres ramas que agrupan a caucasoides, por un lado, afro americanos por otro y, por último, a los otomíes que se separarían marcadamente del resto de las poblaciones.

## CONCLUSIONES

Aunque cada vez son más abundantes los estudios genéticos que se están llevando a cabo sobre poblaciones indígenas en el continente

americano (Schurr *et al.*, 1990; Torroni *et al.*, 1994; Lorenz and Smith, 1996; Gamboa *et al.*, 2000; Rangel-Villalobos, 2000), existe todavía un gran vacío. Esta situación implica un gran problema a la hora de realizar inferencias sobre la historia biológica de muchos de los grupos que, presumiblemente, habitaron desde tiempos remotos tanto el continente como la zona central del valle de México. Las implicaciones de esta situación son particularmente graves desde el punto de vista de la reconstrucción del pasado biológico de las comunidades indígenas de México. Se desconocen, casi en su totalidad, las relaciones filogenéticas que existen entre la mayoría de grupos indígenas; existe un gran desconocimiento sobre el origen y dinámica de estos pueblos; no se tiene referencia del grado de afinidad genética de los pueblos que, hablando el mismo idioma, se distribuyen de forma discontinua por la geografía mexicana; se desconoce el grado de mestizaje que existe dentro de las comunidades. El panorama, como se puede apreciar, es en la actualidad bastante pobre, sobre todo si se tiene presente que México es uno de los países con mayor diversidad humana. Según los últimos datos (SEP-CONACULTA, 1998), el número de comunidades indígenas que en la actualidad habitan el territorio mexicano es de 62, sin contar los dialectos en cuyo caso se estaría hablando de más de cien grupos indígenas. Son valores importantes sobre todo si se tiene en cuenta que el número de poblaciones estudiadas no sobrepasa, en la actualidad, la decena.

Mediante estudios y muestreos sistemáticos de estas poblaciones desconocidas se intenta mejorar esta situación. Hidalgo es quizás uno de los estados más ventajosos al respecto. Los sistemáticos estudios que se están realizando en la actualidad sobre los tres grupos que se distribuyen en esta región –otomíes, nahuas y tepehuas– definitivamente aportarán información vital para conocer el pasado biológico de estas comunidades.

Una vez que se avance en estas investigaciones, y se puedan realizar comparaciones más profundas, se podrán apoyar o refutar las teorías que actualmente están vigentes en cuanto al origen de los pueblos americanos en general y de las comunidades otomíes en particular (Soustelle, 1937; Galinier, 1987; Carrasco, 1987).

A pesar de estas circunstancias hay que advertir que los resultados del presente estudio son un claro ejemplo del potencial de la genética

como herramienta de trabajo en disciplinas como la antropología física, la historia, la etnohistoria, etcétera. En definitiva, las relaciones filogenéticas entre comunidades indígenas pueden abrir una nueva perspectiva a la hora de reconstruir el pasado de la humanidad y de entender cómo y de qué forma se han producido los procesos evolutivos y cuál es el origen de nuestra actual y rica diversidad.

## REFERENCIAS

AMORIN, A., GUSAMO, L., PRATA, M.

- 1995 Population and formal genetics of the STRs TPO, THO1 and VWFA31/A in North Portugal, A. Carracedo, B. Brinkmann, and W. Bar (ed.), *Advances in forensic haemogenetics 6*, Berlin Heidelberg, New York, Springer: 486-488.

BOWCOCK, A. M., RUIZ-LINARES, J. TOMFOHRDE *ET AL.*

- 1994 High resolution of human evolutionary trees with polymorphic macrosatellites, *Nature*, 368: 455-457.

BUDOWLE, B., L. T. NHARI, T. R. MORETTI, S. B. KANOYANGWA, E. MASUKA, D. A. DEFENBAUGH, J. B. SMERICK

- 1997 Zimbabwe black population data on the six short tandem repeat loci -CSF1PO, TPOX, THO1, D3S1358, VWA and FGA, *Forensic Science International*, 90: 215-221.

BUSQUE, L., D. DESMARAIS, S. PROVOST, J. W. SCHUMM, Y. ZHONG, R. CHAKRABORTY

- 1997 Analysis of allele distribution for six short tandem repeat loci in the French Canadian population of Québec, *Journal of forensic Science*, 42: 1147-1153.

CARRASCO, P.

- 1987 *Los otomíes. Cultura e historia prehispánica de los pueblos mesoamericanos de habla otomiana*, Edición facsimilar, Gobierno del Estado de México.

CAVALLI-SFORZA, L. L., P. MENOZZI, A. PIAZZA

- 1994 *The history and geography of human genes*, N. J. Princeton University Press, Princetown.

- DEKA, R., M. D. SHRIVER, L. M. YU ET AL.  
1995 Intra-and interpopulation diversity at short tandem repeat loci in diverse population of the world, *Electrophoresis*, 16: 1659-1664.
- DEKA, R., M. D. SHRIVER, L. M. YU ET AL.  
1999 Genetic variation at twenty three microsatellite loci in sixteen human populations, *Journal of Genetics*, 78: 99-121.
- DESTRO-BISOL, G., R. MAVIGLIA, A. CAGLIÁ, I. BOSCI, G. SPEDINI, V. PASCALI, A. CLARK, S. TISHKOFF  
1999 Estimating European admixture in African Americans by using microsatellites and a microsatellite haplotype (CD4/Alu), *Human Genetics*, 104: 149-157.
- DI RENZO, A., A. C. PETERSON, J. C. GARZA ET AL.  
1994 Mutational processes of simple-sequence repeat loci in human population, *Proceeding National Academy of Science, USA*, 91: 3166-3170.
- GALINIER, J.  
1987 *Pueblos de la Sierra Madre. Etnografía de la comunidad otomí*, Clásicos de la Antropología, Instituto Nacional Indigenista, CEMCA, México.
- GAMBOA, R., G. HERNÁNDEZ-PACHECO, R. HESQUIO, J. ZUÑIGA, F. MASSÓ, L. MONTAÑO, M. RAMOS-KURI, J. ESTRADA, J. GRANADOS, G. VARGAS-ALARCÓN  
2000 Apolipoprotein E Polymorphism in the Indian and Mestizo Populations of Mexico, *Human Biology*, 72 (6): 975-982.
- GENÉ, M., E. HUGUET, P. MORENO, C. SÁNCHEZ, A. CARRACEDO, Y J. CORBELLA  
1996 Population study of the STRs HUMTHO1 (including a new variant) and HUMVWA31A in Catalonia (northeast Spain), *International Journal of Legal Medicine*, 108: 318-329.
- GENÉ, M., A. CARRACEDO, HUGUET E., PÉREZ-PÉREZ, A. Y MORENO, P.  
1998 Population genetics of the D12S391, CSF1PO and TPOX loci in Catalonia (northeast Spain), *International Journal of Legal Medicine*, 111: 52-54.
- GOBIERNO DEL ESTADO DE HIDALGO  
2000 *1er. Informe de Gobierno 1999-2000*, Pachuca Hgo., CD Rom.

- GÓMEZ, M. V., M. E. REYES, D. F. MEJÍA, H. CÁRDENAS  
2000 Genetic variation at 9 STR loci in a southwester Colombian population, *Progre Forensic Genetic*, 8: 251-253.
- GUERRERO, G. R.  
1986 *Otomíes y tepehuas de la Sierra Oriental de Hidalgo*, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Pachuca.
- INEGI  
2000 *Resultados preliminares del XII Censo de Población y Vivienda, México*, CD Rom.
- JORDE, L. B., M. J. BAMSHAD, W. S. WATKINS ET AL.  
1995 Origins and affinities of modern humans: A comparison of mitochondrial and nuclear genetic data, *American Journal of Human Genetics*, 57: 523-538.
- KUPFERSCHMID, T. D., T. CALICCHIO, B. BUDOWLE  
1999 Maine Caucasian population DNA database using twelve short tandem repeat loci, *Journal of Forensic Science*, 44: 392-295.
- LORENZ, J. G., D. G. SMITH  
1996 Distribution of four founding mtDNA haplogroups among native North Americans, *American Journal of Physical Anthropology*, 101: 307-323.
- MIKA, K. A., C. J. SPRECHER, A. M. LINS ET AL.  
1996 Validation of multiplex polymorphic STR amplification sets developed for personal identification applications, *Journal Forensic Sciences*, 41: 582-590.
- NELLEMAN, L. J., A. MOLLER, N. MORLING  
1994 PCR typing of DNA fragments of the short tandem repeat (STR) system HUMTHO1 in Danes and Greenland Eskimos, *Forensic Science International*, 68: 45-51.
- NEI, M., K. A. ROYCHOUDHURY  
1993 Evolutionary relationships of human populations on a global scale, *Molecular Biology Evolution*, 10: 927-943.

NEI, M., N. TAKEZAKI

- 1996 The root of the phylogenetic tree of human populations, *Molecular Biology Evolution*, 13: 170-177.

PARRA, E., N. SAHA ET AL.

- 1999 Genetic variation at 9 Autosomal Microsatellite Loci in Asian and Pacific Populations, *Human. Biology*, 71 (5): 757-779.

PHINEIRO, F., L. PONTES, M. GENÉ, E. HUGUET, J. PINTO DA COSTA, P. MORENO

- 1997 Population study of the HUMTHO1, HUMVWA31A, HUMF13A1 and HUMFES/FPS STR polymorphisms in the North of Portugal, *Journal Forensic Science*, 42: 121-124.

RANGEL-VILLALOBOS, H., F. RIVAS, M. TORRES-RODRÍGUEZ, A. R. JAMOLA-CRUZ, M. P. GALLEGOS-ARREOLA, J. LÓPEZ-SATOW, J. M. CANTÚ, L. E. FIGUERA

- 1999 Allele frequency distributions of six Amp-FLPS (D1S80, APO-B, VWA, TH01, CSF1PO and HPRTB) in a Mexican population, *Forensic Science International*, 105: 125-129.

RANGEL-VILLALOBOS, H., F. RIVAS, L. SANDOVAL, B. IBARRA, Z. GARCÍA CARVAJAL, J. M. CANTÚ, 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 (6): 983-996.

SALA, A., G. PENACINO, D. CORACH

- 1998 Comparison of Allele Frequencies of Eight STR Loci from Argentinean Amerindian and European Populations, *Human Biology*, 70(5): 937-947.

SEP-CONACULTA

- 1998 *La diversidad cultural de México. Los pueblos indígenas y sus sesenta y dos idiomas.*

SCHURR, T. G., Y. Y. BALLINGER, GAN ET AL.

- 1990 Amerindian mitochondrial DNAs have rare Asian mutations at high frequencies, suggesting they derived from four primary maternal lineages, *American Journal of Human Genetics*, 46: 613-623.

SMITH, T. A.

- 1997 West Virginian State Police, personal communication, <http://www.uni-duesseldorf.de/WWW/MedFak/Serology/database.html>

SOUSTELLE, J.

- 1937 *La famille otomi-pame du Mexique Central*, Travaux et memories 26, Institute d'Etnologie, Université de Paris.

STONEKING, M., J. J. FONTIUS, S. L. CLIFFORD *ET AL.*

- 1997 Alu insertion polymorphism and human evolution: Evidence for a larger population size in Africa, *Genome Research*, 7: 1061-1071.

TORRONI, A., Y. CHEN, S. SEMINO *ET AL.*

- 1994 MtDNA and Y-chromosome polymorphisms in four Native American populations from southern México, *American Journal of Human Genetics*, 54: 303-318.

TOURRET, N., J. LÓPEZ GAMELO, L. VIDAL-RIOJA

- 1999 Allele frequencies of six STR loci in Argentine populations, *Journal of Forensic Science*, 44: 1265-1269.

WATSON, E. C., P. GILL Y S. S. MASTANA

- 1998 Genetic diversity at the HUMTHO1 locus, *Annals of Human Biology*, 25(6): 563-580.

YUNIS, J. J., O. GARCÍA, I. URIARTE, E. J. YUNIS

- 2000 Population data on 6 short tandem repeat loci in a sample of Caucasian-Mestizos from Colombia, *International Journal of Legal Medicine*, 113: 175-178.