

ESTUDIOS DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA

VOLUMEN XII

*

Editores

Carlos Serrano Sánchez
Patricia Olga Hernández Espinoza
Francisco Ortiz Pedraza



CONACULTA • INAH



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES ANTROPOLÓGICAS
INSTITUTO NACIONAL DE ANTROPOLOGÍA E HISTORIA
ASOCIACIÓN MEXICANA DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA
MÉXICO 2005

Comité editorial

Marco Antonio Cardoso Gómez
Patricia Olga Hernández Espinoza
María Teresa Jaén
Sergio López Alonso
Francisco Ortiz Pedraza
Carlos Serrano Sánchez
Luis Alberto Vargas Guadarrama
José Luis Vera Cortés

Diseño de portada: Ada Ligia Torres Maldonado
Realización de portada: Nohemí Sánchez Sandoval

Todos los artículos fueron dictaminados

Primera edición: 2005

© 2005, Instituto de Investigaciones Antropológicas
Universidad Nacional Autónoma de México
Ciudad Universitaria, 04510, México, D.F.

© 2005, Instituto Nacional de Antropología e Historia
Córdoba 45, Col. Roma, 06700, México, D.F.
sub_fomento.cncpbs@inah.gob.mx

© 2005, Asociación Mexicana de Antropología Biológica

ISSN 1405-5066

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

UNA APROXIMACIÓN A LA GENÉTICA DE POBLACIONES ANTIGUAS Y CONTEMPORÁNEAS DE LA REGIÓN DE EL TAJÍN¹

Yadira Yetzabel Reyna Hernández
y Héctor Rangel Villalobos*

Posgrado en Antropología, IIA/FFyL

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

RESUMEN

Las técnicas de biología molecular y la genética de poblaciones actualmente constituyen una herramienta muy valiosa para abordar problemas de origen antropológico. Por ello, este trabajo pretende aportar conocimiento acerca de los grupos humanos que han habitado la región de El Tajín a lo largo del tiempo, mediante el análisis de muestras de DNA de una población antigua y totonaca actual de dicha región. Se empleó el *kit* AmpliType PM para caracterizar las muestras, y se estimaron parámetros poblacionales de cinco marcadores del *kit* para validar su utilización con fines de identificación humana en los totonacos actuales. Las relaciones genéticas estimadas, incluyendo otras siete poblaciones actuales mexicanas (Buentello *et al.* 2003) y dos grupos de muestras de otopames antiguos correspondientes al periodo Epiclásico de la región de Tula, Hidalgo (Fournier 2001), sugieren que los nahuas llegaron a la región de El Tajín antes de lo propuesto por las investigaciones arqueológicas y lingüísticas; aunque por el reducido tamaño de muestras los resultados deben tomarse como una aproximación.

PALABRAS CLAVE: región de El Tajín, genética de poblaciones, ADN, poblaciones humanas.

¹ Dedicado a la memoria de la Dra. Rocío Vargas Sanders.

ABSTRACT

Presently, the techniques of Molecular Biology and Population Genetics constitute a valuable tool for anthropological research purposes. This work tries to generate knowledge about the human groups that inhabited El Tajín region. For this purpose, we analyzed the AmpliType PM kit at ancient DNA samples and actual totonaca populations from El Tajín region. We computed population parameters of five markers included at the kit, which validated its utilization for human identification purposes in the actual totonaca population. We estimated genetic relationships among eleven Mexican populations, including seven actual groups previously described (Buentello *et al.* 2003) and two samples of ancient DNA from otomame-tribes of the Epiclasic period from Tula, Hidalgo (Fournier, 2001). Results suggest that Nahuas arrived to El Tajín region before that the proposed by previous archaeological and linguistical evidence. Because the reduced sample size analyzed, these results must be considered as an approximation.

KEY WORDS: El Tajin region, population genetics, DNA, human populations.

INTRODUCCIÓN

La región de El Tajín se encuentra geográficamente enmarcada por dos llanuras aluviales: al norte, la llanura de Coatzintla en la cuenca media del río Cazones y, al sur, la llanura de Espinal en la cuenca del río Tecolutla.

Esta región ha sido estudiada por diferentes investigadores, mismos que han argumentado que los responsables de la cultura que allí se desarrolló fueron de origen totonaco (García Payón 1938; Du Solier 1945; Krotser 1973). Sin embargo, los estudios de carácter arqueológico y lingüístico más recientes proponen que, en realidad, este grupo étnico llegaría en un periodo posterior al que corresponde al auge de la cultura de El Tajín. De acuerdo con estas últimas investigaciones, tres grupos habitaron antiguamente la región: los *huastecos*, quienes probablemente dieron origen a la cultura ahí consolidada; los *totonacos*, que llegaron en el Epiclásico local (*ca.* 900-1100 dC), y los *nahuas*, que entraron y salieron de la región en diferentes momentos del Posclásico (*ca.* 1100-1520 dC) (*cf.* Pascual 2003; Ochoa 1989; Wilkerson 1989; Manrique 1975 y 1979; Mc Quown 1964).

Este trabajo pretende, aplicando técnicas de la biología molecular y conceptos de la genética de poblaciones, aportar conocimiento sobre las relaciones filogenéticas entre los pobladores antiguos de la región de El Tajín y algunas poblaciones contemporáneas. Fue realizado en el marco de las investigaciones del Proyecto Arqueológico Morgadal Grande de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).²

Con el propósito de reducir al mínimo los riesgos de contaminación de DNA actual en las muestras óseas y dentales producidas por las excavaciones arqueológicas se crearon mecanismos de control desde el proceso mismo de excavación, los que incluyen la recuperación de los restos utilizando guantes y cubrebocas, así como la toma de muestras de células de descamación bucal de los excavadores y del personal del laboratorio donde se trabajaron éstas en México. Ello con la finalidad de obtener sus genotipos y evitar que interfirieran con aquellos que caracterizaran las muestras de los pobladores antiguos. Además, se tomaron en cuenta todos los requerimientos esenciales propuestos por el investigador norteamericano Jeremy Austin (2002) para demostrar la autenticidad del DNA antiguo.

MÉTODOS Y TÉCNICAS

Gran parte de los análisis moleculares fueron realizados en el laboratorio de Antropología Molecular que se encontraba a cargo de la Dra. Rocío Vargas Sanders, sobre la base de un convenio interinstitucional entre los institutos de investigaciones Estéticas (IIE) y Antropológicas (IIA) de la UNAM.

Por otro lado, las muestras dentales recuperadas en las excavaciones del proyecto, procedentes de El Tajín y de Morgadal Grande, fueron remitidas al Laboratorio Paleoscience de Miami, Florida, EUA; donde una parte de cada diente fue utilizada para la extracción del DNA antiguo, que a su vez fue amplificado e hibridizado en México. La otra parte fue utilizada para ser fechada por Espectrometría por Aceleración de Masas (AMS) en el Laboratorio Beta Analytic de Miami.

² Este proyecto se desarrolla en el Instituto de Investigaciones Estéticas (IIE) de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) con el apoyo del CONACYT (34912H) y de la DGAPA (401701).

MÉTODOS DE MUESTREO

Obtención de las muestras osteológicas

Las muestras antiguas trabajadas procedían de tres diferentes sitios en la región: El Tajín, La Palmera y Morgadal Grande, y pertenecían en su mayoría al periodo Epiclásico local (*ca.* 900-1100 dC). Cada muestra ósea propuesta en campo para su análisis molecular, además de ser tomada utilizando guantes y cubrebocas, como ya se ha mencionado, fue debidamente embalada en papel aluminio para después ser introducida en bolsas plásticas debidamente etiquetadas.

Muestreo de la población actual

Se efectuó de manera dirigida, estratificada y no probabilística con el grupo totonaco que actualmente habita Morgadal Grande (ubicado aproximadamente a 2 km del sitio arqueológico del mismo nombre). Se procuró que los individuos muestreados no tuvieran mezcla con otros grupos étnicos en las tres últimas generaciones, ni tampoco parentesco entre sí. Se tomaron muestras de células de descamación bucal de 39 individuos, quienes firmaron un consentimiento informado antes de proceder a la toma. Se utilizaron raspadores IsoSwab de Sleicher & Schuell, diseñados para obtener las muestras. Inmediatamente, fueron depositadas en tarjetas IsoCode de Sleicher & Schuell previamente marcadas y puestas a secar para ser transportadas a los laboratorios del IIE en Ciudad Universitaria.

Además, a cada individuo muestreado se le solicitó contestara un sencillo cuestionario que tenía la finalidad de conocer sus antecedentes lingüísticos. Estos datos sirvieron para establecer un parámetro de comparación con el análisis molecular. Entre otras cosas, se les preguntó el lugar de nacimiento y la o las lengua(s) que hablaban el encuestado y las tres generaciones que lo antecedieron.

MÉTODOS DE LABORATORIO

Racemización de muestras antiguas

Las muestras dentales fueron enviadas al laboratorio de Paleoscience de Miami para ser racemizadas. La racemización se basa en las transformaciones de las proteínas de los fósiles a lo largo del tiempo. Las proteínas están constituidas por aminoácidos, que son moléculas asimétricas. Los organismos vivientes sólo contienen en sus proteínas los aminoácidos de tipo levógiro (una parte de la molécula del grupo amino se sitúa a la derecha y hay un átomo de hidrógeno a la izquierda –en sentido figurado, por supuesto). Cuando mueren los organismos, estos aminoácidos “zurdos” van cambiando a lo largo del tiempo a “diestros” (de levógiros a dextrógiros) y el átomo de hidrógeno queda a la derecha y el grupo amino a la izquierda. Así, el proceso de racemización es útil porque mide la proporción entre aminoácidos dextrógiros y levógiros, lo cual sirve para determinar la presencia de DNA antiguo en huesos y restos fosilizados. Para este estudio se midió la proporción de racemización de ácido aspártico y de alanina en las muestras dentales prehispánicas con las que se trabajó.

Extracción de DNA antiguo y contemporáneo

Se utilizaron dos métodos para la extracción de DNA en hueso:³ el método Kalmár (Kalmár *et al.* 2000) y el de fenol-cloroformo modificado (Maniatis 1989). Las muestras dentales, como ya se ha mencionado, fueron enviadas al laboratorio Paleoscience.

Para el caso de las muestras actuales se realizó la extracción de DNA siguiendo el protocolo de Sleicher & Schullis incluido en las *IsoCards* (Sleicher & Schuell 2002).

³ Esto con la finalidad de observar qué método de extracción podía ser el más adecuado tratándose de DNA antiguo.

AMPLIFICACIÓN DE DNA ACTUAL Y ANTIGUO

Se utilizó el *kit* AmpliType PM PCR Amplification and Typing Kit (Perkin Elmer; Roche Molecular Systems, INC., Branchburg, NJ 1994), avalado con muestras de casos forenses y de laboratorio expuestas a ambientes difíciles. Además, fue utilizado con éxito por la Dra. Rocío Vargas (pionera de la antropología molecular en México) durante más de diez años. El AmpliType, ampliamente conocido como PoliMarker, se basa en la técnica de PCR (reacción en cadena de la polimerasa) para co-amplificar seis loci polimórficos: LDLR (Low Density Lipoprotein Receptor), GYPA (Glycophorin A), HBG (Hemoglobin G Gammaglobin), D7S8 y GC (Group Specific Component) y DQA1 (previamente referido para el HLA DQ). El tamaño de los productos de amplificación que se obtienen van de las 138 a 242pb (pares de bases) (Perkin Elmer 2001). Se trabajó únicamente con los cinco primeros loci enlistados en el párrafo anterior, ya que a partir del DQA1 no se obtienen amplificaciones positivas en DNA extraído de restos antiguos (Vargas 1993). Esto se debe a que cuando se estudia material fresco (sangre, saliva, tejidos, etcétera) es posible amplificar fragmentos de miles de pares de bases; sin embargo, en tejidos antiguos los fragmentos por lo general no exceden los 200 pb debido a la degradación del DNA que ocurre después de la muerte del organismo (Lanteri y Confalonieri 2001).

HIBRIDIZACIÓN DE DNA ACTUAL Y ANTIGUO

Se realizó con las tiras de tipificación incluidas en el *Kit* AmpliType PM de acuerdo con el protocolo de Perkin Elmer incluido en el *Kit* (2001) (figura 1).

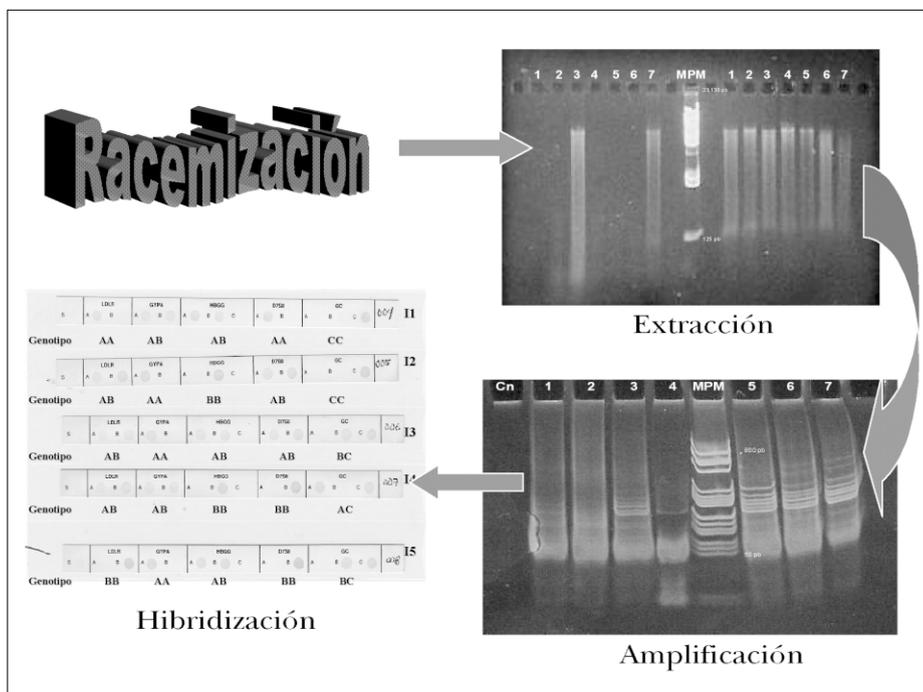


Figura 1. Métodos de laboratorio.

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Análisis intrapoblacional

En cada una de las poblaciones muestreadas se estimaron las frecuencias alélicas y genotípicas por el método de conteo de los marcadores incluidos en el *Kit* Polymarker. Para cada marcador se determinó la diversidad genética mediante el cálculo de la heterociguidad. Además, a partir de pruebas exactas se evaluó el ajuste de las frecuencias genotípicas con los postulados del modelo Hardy-Weinberg y el desequilibrio de ligamiento (DL) entre marcadores genéticos. Estos parámetros poblacionales de genética descriptiva se realizaron mediante el programa Genetic Data Analysis (GDA versión 1.1). Se determinó la diferenciación genética entre poblaciones mediante comparaciones pareadas de las frecuencias alélicas para cada locus con el programa para tablas de

contingencia RxC for Windows. La significancia estadística de las pruebas se determinó empíricamente mediante 5 000 simulaciones.

Análisis interpoblacional

Se incluyeron datos genéticos del sistema Polimarker publicados en la literatura sobre grupos indígenas mexicanos actuales (Buentello *et al.* 2003): purépechas, tzeltales, nahuas de Guerrero, otomíes, Mixteca Baja, Mixteca Alta y nahuas de Xochimilco. Adicionalmente, se consideraron datos genéticos de antiguos otopames del sitio arqueológico de Tula, Hidalgo, México (Fournier 2001). Con estos datos se estimaron distancias genéticas que fueron representadas gráficamente en un árbol *neighbour-joining* para obtener una aproximación sobre las relaciones filogenéticas entre todos ellos, centrandó nuestro interés en la región de El Tajín. Estas estimaciones fueron obtenidas mediante el programa DISPAN (*Genetic Distance and Phylogenetic Análisis*).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Resultados de muestreo

Restos antiguos

Fueron recuperados en las excavaciones del Proyecto Arqueológico Morgadal Grande un total de 15 individuos, de los cuales 12 corresponden a entierros primarios. Se trabajó con el DNA de siete huesos pertenecientes a cuatro entierros distintos y con tres muestras dentales de individuos diferentes, dando un total de diez, todos ellos fechados por AMS. La finalidad de trabajar tanto con muestras óseas en el IIA, como con muestras dentales en Paleoscience, consistió en establecer parámetros de comparación entre los resultados obtenidos por cada laboratorio.

Población actual

Se obtuvieron 39 muestras de células de descamación bucal de la población totonaca actual de Morgadal Grande.

RESULTADOS DE LABORATORIO

Racemización

Sólo dos de las cuatro muestras dentales enviadas a Paleoscience resultaron ser candidatas para obtener aDNA. Sin embargo, una de aquellas catalogadas como no candidatas (la muestra I 346) para análisis de DNA fue seleccionada, debido a su valor arqueológico, para ser estudiada junto con las muestras viables. Aunque en dicha muestra los valores de ácido aspártico fueron mayores a 0.1, este valor es de tipo cualitativo y no cuantitativo. Por lo tanto, las posibilidades de obtener aDNA de dicha muestra sólo disminuían, mas no se anulaban. Además, la racemización de alanina es menor que la de ácido aspártico, por lo que la muestra se encontraba libre de contaminantes⁴ (*Paleoscience* 2001).

Amplificación de DNA

En restos antiguos no fue posible obtener amplificaciones positivas de todos aquellos huesos con los que se trabajó, aunque sí de todos los esqueletos. En la población actual amplificaron 38 de los 39 individuos muestreados.

ANÁLISIS DE DATOS GENÉTICOS

Intrapoblacional

Las frecuencias estimadas en la población totonaca actual fueron similares a las observadas en las etnias mexicanas reportadas por Buentello y colaboradores (2003). Por su parte, la población antigua mostró diferencias notables con la contemporánea en los marcadores LDLR y D7S8, aunque ninguna fue significativa ($p > 0.05$). Esta falta de significancia en las comparaciones, más que indicar una similitud entre la población

⁴ Esta decisión resultó acertada, dado que la muestra amplificó positivamente.

antigua y actual, refleja la falta de potencia estadística de la prueba por el limitado tamaño de muestra.

Debido al gran error estándar de las estimaciones de la población antigua, no se discutirán en detalle las frecuencias genotípicas. Sólo mencionaremos que encontramos que los marcadores GYPA y HBGG se comportaron de manera similar, mientras que el LDLR, D7S8 y GC muestran frecuencias genotípicas distintas.

En el cuadro 1 se muestran las frecuencias genotípicas observadas, que se compararon con las esperadas bajo el modelo Hardy-Weinberg (EHW), así como el porcentaje de heterocigocidad observado y esperado. La distribución de genotipos de todos los marcadores estuvo en equilibrio Hardy-Weinberg y de ligamiento (DL) ($p > 0.005$). En la población totonaca actual esto indica que las frecuencias alélicas y genotípicas se mantienen constantes de generación en generación, que los apareamientos son al azar y que los procesos poblacionales de cambio genético, aunque se asume que existen, no tienen un efecto importante en la población (selección, mutación, endogamia, deriva génica, entre otras). Lo anterior tiene implicaciones importantes desde el punto de vista forense, ya que esto permite estimar de manera confiable los perfiles de DNA que se pudieran generar con este *kit* en pruebas forenses y de paternidad, específicamente en la población totonaca actual de Morgadal Grande. En este contexto, también es importante saber que los marcadores se comportan independientemente en cada grupo analizado.⁵

Cabe mencionar que las causas de desequilibrio (Hardy-Weinberg o DL) más común en estudios genético-poblacionales NO se deben a procesos de selección, mutación, etcétera, sino a errores en la tipificación en el laboratorio y/o en el proceso de la toma de muestras. En nuestro estudio, la congruencia estadística de los datos, vistos a la luz de la genética poblacional, apoya la validez de los resultados obtenidos desde el punto de vista metodológico. Es importante mencionar lo anterior dado las dificultades implícitas al trabajar con DNA antiguo (aDNA), así como por las dudas que suelen generar los estudios de este tipo. La principal limitante que debemos reconocer en este trabajo es

⁵ Esto se ha demostrado en estudios previos de validación del *kit* hechos en otras poblaciones.

el pequeño tamaño de la muestra, por lo complicado que resulta –por razones obvias– obtener y trabajar con restos humanos antiguos.

Cuadro 1

Distribución genotípica, equilibrio Hardy-Weinberg y heterocigocidad

Marcador	Genotipo	Actuales			Antiguos		
		Observado n	%	Esperado n	Observado n	%	Esperado n
LDLR	A / A	13	35	11.40	1	33	0.33
	A / B	15	41	18.28	0	0	1.33
	B / B	9	24	7.32	2	67	1.34
	Heterocigocidad (%)	40.54		50.09	0		53.33
		EHW		p= 0.3178	EHW		p = 0.2009
GYPA	A / A	25	66	23.72	4	80	4.05
	A / B	10	26	12.60	1	2	0.9
	B / B	3	8	1.68	0	0	0.05
	Heterocigocidad (%)	42.10		43.78	20		20
		EHW		p= 0.3100	EHW		p = 1.000
HBGG	A / A	4	11	3.8	0	0	0.57
	A / B	16	42	16.42	4	57	2.86
	B / B	18	47	17.78	3	43	3.57
	C / C	0	0	0	0	0	0
	A / C	0	0	0	0	0	0
	B / C	0	0	0	0	0	0
	Heterocigocidad (%)	42.10		43.78	57.14		43.95
		EHW		p = 1.000	EHW		p = 0.5800
D7S8	A / A	17	45	15.8	0	0	1.04
	A / B	15	39	17.41	5	83	2.92
	B / B	6	16	4.79	1	17	2.04
	Heterocigocidad (%)	39.47		46.42	53.03		83.33
		EHW		p = 0.4903	EHW		p = 0.2475
GC	A / A	5	14	0.56	0	0	0
	A / B	0	0	3.123	0	0	0
	B / B	3	8	4.752	1	14	0
	C / C	10	28	4.33	3	43	0.89
	A / C	4	11	13.19	0	0	3.21
	B / C	14	39	10.03	3	43	2.89
Heterocigocidad (%)	63.88		59.35	42.85		49.45	
		EHW		p = 0.4975	EHW		p = 1.000

Interpoblacional

Con el fin de hacer un análisis global de las relaciones biológicas entre poblaciones se estimaron las distancias genéticas incluyendo a un número mayor de poblaciones de México, entre ellas: las dos antiguas de otopames de Tula, Hidalgo (“Cerritos” y “Carretera”) (Fournier 2001), contemporáneas de la antigua de la región de El Tajín (Epiclásico *ca.* 900-1100 dC), así como ocho poblaciones actuales de diferentes grupos étnicos de México (incluyendo la de totonacos de Morgadal Grande). Las distancias genéticas, representadas en el árbol *neighbour-joining*, muestran la mayor lejanía de los pobladores antiguos de la región de El Tajín con los otopames epiclásicos de la región de Tula, quienes se apartaron notablemente de todos los demás grupos. Aunque esto podría parecer difícil de explicar, dado que las muestras son contemporáneas en el tiempo, la diferente filiación etno-lingüística atribuible a las muestras del Epiclásico es congruente con este resultado (*cf.* Fournier 2001). Por otro lado, la relación genética más cercana de población antigua se observó con los nahuas de Guerrero, seguida con nuestra muestra de totonacos actuales de Morgadal Grande (figura 2). Los antecedentes histórico-antropológicos de la región, que hablan de una entrada y salida constante de grupos nahuas en la región, dan sentido a este resultado.

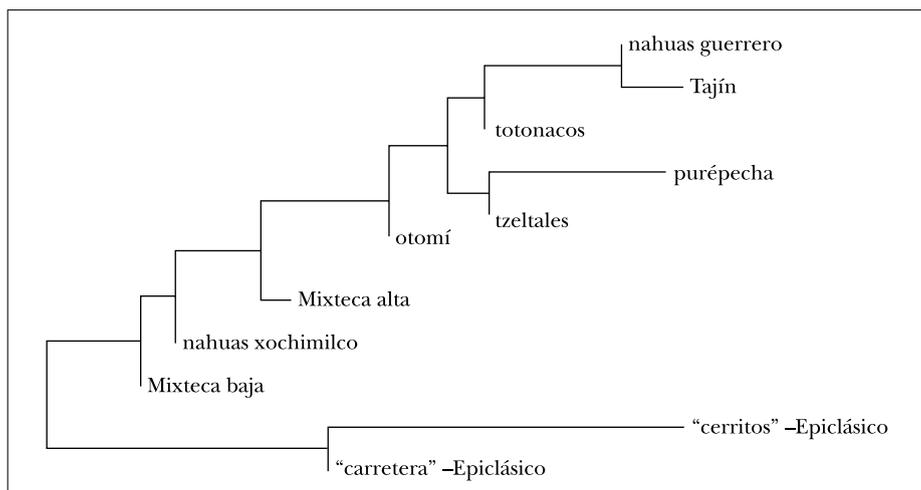


Figura 2. Árbol *neighbour-joining* que representa las distancias genéticas entre once poblaciones antiguas y contemporáneas de México.

CONCLUSIONES

Sobre las contribuciones de este trabajo podemos concluir lo siguiente:

1) No se observó una diferenciación genética entre la población antigua y actual de la región de El Tajín.

2) Las frecuencias alélicas estimadas, así como el equilibrio Hardy-Weinberg y de ligamiento, validan el uso del *kit* para identificar individuos totonacos actuales.

3) Las relaciones genéticas establecidas sugieren, respecto a la población antigua de El Tajín, que los nahuas llegaron a la región antes de lo propuesto por las investigaciones arqueológicas y lingüísticas.

4) Por el pequeño tamaño de la muestra antigua, y consecuente margen de error elevado en las estimaciones, los resultados deben tomarse cautelosamente, es decir como una aproximación.

AGRADECIMIENTOS

Damos gracias al Proyecto Arqueológico Morgadal Grande y a su responsable, el doctor Arturo Pascual Soto, por todos los votos de confianza otorgados para el desarrollo de este trabajo de investigación. Nuestro mayor reconocimiento para la doctora Rocío Vargas Sanders, por todo su tiempo y enseñanza. Al doctor Carlos Serrano, por tan grande apoyo en todo momento y, por supuesto, a la población de Morgadal Grande, por su invaluable ayuda tanto en los difíciles como en los gratos momentos durante las excavaciones y el muestreo del Proyecto Morgadal Grande.

REFERENCIAS

AUSTIN, JEREMY

2002 Requerimientos esenciales para mostrar la autenticidad del DNA antiguo, <http://www.ergito.com>

BUENTELLO, L., C. PEÑALOZA-ESPINOZA, F. LOAEZA, F. SALAMANCA Y R. CERDA FLORES

2003 Genetic Structure of seven Mexican populations based on five Polymarker Loci, *American journal of human biology*, 15: 2-8

DU SOLIER, WILFRIDO

- 1945 La cerámica arqueológica del Tajín, *Anales del Museo Nacional de México*. V:1-45. México.

FOURNIER, PATRICIA Y ROCÍO VARGAS

- 2001 *En busca de los “dueños del silencio”: cosmovisión y ADN antiguo de las poblaciones otomames epiclásicas de la región de Tula*, INAH-UNAM, México.

GARCÍA PAYÓN, JOSÉ

- 1938 *Exploraciones arqueológicas en el Totonacapan meridional*, Archivo técnico del INAH, México.

KALMÁR, TIBOR, CSANÁD BACHRATI, ANTONIA MARCSIK Y ISTVÁN RASKÓ

- 2000 A simple and efficient method for PCR amplifiable DNA extraction from ancient bones, *Nucleic acids research*, Oxford University Press, vol. 28, núm. 12.

KROTSER, RAMÓN Y PAULA KROTSER

- 1973 Topografía y cerámica de El Tajín, Ver., *Anales del Instituto Nacional de Antropología e Historia*. III:177-221, México.

LANTERI, A. Y V. CONFALONIERI

- 2001 ADN del pasado, *Ciencia Hoy* V: 11-64. <http://www.cienciahoy.retina.ar/hoy64/adn1.htm>

MANIATIS, T. Y J. SAMBROOK

- 1989 *Molecular cloning. A laboratory manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, USA.

MANRIQUE, LEONARDO

- 1975 Relaciones entre las áreas lingüísticas y las áreas culturales. *XIII Mesa Redonda de la Sociedad Mexicana de Antropología*, Xalapa, México.
- 1979 La posición de la lengua huasteca, *Actas del XLII Congreso Internacional de Americanistas*, París.

MC QUOWN, NORMAN

- 1964 Los orígenes y la diferenciación de los mayas según se infiere del estudio comparativo de las lenguas mayanas, *Desarrollo cultural de los mayas*, Seminario de Cultura Maya, Universidad Nacional Autónoma de México.

OCHOA, LORENZO

- 1989 *Huastecos y totonacos: una antología histórico-cultural*, Consejo Nacional para la Cultura y las Artes, México.

PALEOSCIENCE

- 2001 Inference Test for DNA Preservation: Amino Acid Racemization. Resultados reportados al Proyecto Morgadal Grande (IIE-UNAM).

PASCUAL, ARTURO

en prensa *El Tajín. En busca de los orígenes de una civilización*, Instituto de Investigaciones Estéticas-UNAM, México.

PERKIN, ELMER

- 2001 *Manual de amplificación e hibridización del sistema AmpliType PM+DQAI*.

SLEICHER & SCHUELL

- 2002 *Protocolo de aislamiento y amplificación para sangre y saliva con tarjetas IsoCode*.

VARGAS, ROCÍO

- 1993 *De los esqueletos a la doble hélice: hacia un estudio en paleoantropología molecular*, tesis doctoral, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México.

WILKERSON, JEFFREY

- 1989 Presencia huasteca y cronología cultural en el norte de Veracruz Central, *Huastecos y totonacos: una antología histórico-cultural*, Lorenzo Ochoa (ed.), Consejo Nacional para la Cultura y las Artes. México.

